

UNIVERSIDADE FEDERAL DOS VALES DO JEQUITINHONHA E MUCURI

Programa de Pós-Graduação em Zootecnia

Graziela Tarôco

**NORMAS DE REAÇÃO PARA PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO
EM CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS COM DIETAS CONTENDO
DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA**

Diamantina

2016

Graziela Tarôco

**NORMAS DE REAÇÃO PARA PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO
EM CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS COM DIETAS CONTENDO
DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA**

Dissertação apresentada ao programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, como requisito para obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Heder José D'Ávila Lima
Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Leila de Genova Gaya

Diamantina

2016

Ficha Catalográfica – Serviço de Bibliotecas/UFVJM
Bibliotecário Anderson César de Oliveira Silva, CRB6 – 2618.

T191n	<p>Tarôco, Graziela</p> <p>Normas de reação para parâmetros da curva de crescimento em codornas de corte alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina / Graziela Tarôco. – Diamantina, 2016.</p> <p>71 p. : il.</p> <p>Orientador: <u>Heder José D' Avila Lima</u> Coorientador: <u>Leila de Genova Gaya</u></p> <p>Dissertação (Mestrado – Curso de Pós-Graduação em Zootecnia) - Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p>1. <u>Coturnix coturnix</u>. 2. Interação genótipo – ambiente. 3. Melhoramento genético. I. Título. II. Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri.</p> <p style="text-align: right;">CDD 636.594</p> <p>Elaborado com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).</p>
-------	--

Graziela Târoco

**NORMA DE REAÇÃO PARA PARÂMETROS DA CURVA DE
CRESCIMENTO EM CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS COM
DIETAS CONTENDO DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA**

Dissertação apresentada ao
Programa de Pós-Graduação em
Zootecnia, nível de Mestrado,
como parte dos requisitos para
obtenção do título de Mestre.

Orientador: Prof. Dr. Heder José
D'Avila Lima
Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Leila de
Genova Gaya

Data da aprovação 31/03/2016


Prof.^a Dr.^a Leila de Genova Gaya – UFSJ


Prof. Dr. Felipe Gomes da Silva – UFMT


Prof. Dr. Martinho de Almeida e Silva – UFVJM


Prof.^a Dr.^a Sandra Regina Freitas Pinheiro – UFVJM


Prof. Dr. Heder José D'Avila Lima – UFMT

Diamantina

Ao professor Aldrin Vieira Pires “*in memoriam*”

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia e a todos os professores que o compõem, pelos valiosos ensinamentos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais Geraldo e Tânia e 4meus padrinhos Fausto e Eliana, pelas lições valiosas, apoio e toda a estrutura necessária que me permitiu seguir em frente.

Ao Prof. Aldrin Vieira Pires, por toda a compreensão e confiança em mim dedicadas, sendo até hoje fonte de inspiração para esse trabalho.

A Profa. Leila de Genova Gaya, pela amizade, pelo exemplo de profissionalismo, pelos conselhos e ensinamentos que contribuíram para o enriquecimento dos meus conhecimentos, sempre me incentivando e nunca me deixando desistir.

Ao amigo Lúcio Flávio Macedo Mota, grande colaborador para o desenvolvimento deste trabalho, não medindo esforços para me ajudar a concretiza-lo.

Ao Prof. Heder José D'Avila Lima, pela orientação e colaboração no trabalho.

Aos amigos do grupo de Melhoramento Animal (GMA) que sempre se mostraram companheiros de pesquisa e trabalho.

Enfim, a todos aqueles que não foram citados mais contribuíram de maneira direta ou indireta para a realização deste trabalho, meus mais sinceros agradecimentos.

RESUMO

Em espécies de interesse zootécnico as características de importância econômica, como o crescimento dos animais, podem apresentar diferenças produtivas as quais são atribuídas à influência dos efeitos genéticos e ambientais. Desta forma, a interação genótipo-ambiente pode ocasionar mudanças nas variâncias dos valores genéticos e/ou na classificação destes animais. Objetivou-se com o presente trabalho estimar curvas de crescimento de codornas de corte, dos grupos genéticos LF1 e LF2, alimentadas com diferentes relações de treonina:lisina na dieta, por meio dos modelos Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy, bem como prever os parâmetros genéticos da curva de crescimento para peso corporal aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão e avaliar a existência de interação genótipo – ambiente para a expressão destas características. Na primeira fase do experimento, do nascimento aos 21 dias de idade, as codornas foram alimentadas com dietas contendo relações 0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86% de treonina:lisina. Dos 22 aos 35 dias de idade, as codornas receberam dieta única contendo 26,12% de proteína bruta e 2.900 kcal EM/kg. Na segunda fase, as codornas foram alimentadas com dieta única contendo 24,54% de proteína bruta e 2.900 EM/Kg, do nascimento aos 21 dias de idade. Dos 22 aos 35 dias de idade as codornas foram alimentadas com dieta contendo relações de 0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91% de treonina:lisina. Os diferentes modelos de curva de crescimento foram ajustados e as interações foram avaliadas por meio de modelos de regressão aleatória, considerando-se os efeitos fixos de sexo e os efeitos aleatórios genéticos aditivos diretos como funções dos níveis da relação treonina:lisina da dieta. Os resultados demonstraram que o modelo Gompertz proporcionou melhor ajuste da curva de crescimento das codornas de corte. As estimativas de herdabilidade foram de moderadas a alta ao longo das relações treonina:lisina. As normas de reação demonstram a existência de interação genótipo – ambiente para as relações treonina:lisina da dieta e, em decorrência disto, ocorrem alterações na dispersão dos valores genéticos ou na ordem de classificação dos méritos genéticos das codornas. Desta forma, os programas de melhoramento de codornas devem considerar os níveis de treonina:lisina na dieta das aves, uma vez que esta pode interferir no desempenho dos animais.

Palavras-chave: *Coturnix coturnix*, Interação genótipo - ambiente, Melhoramento genético

ABSTRACT

Traits of economic interest in livestock species, such as growth, may have productive differences which are attributed to the influence of genetic and environmental effects. Thus, the genotype-environment interaction may lead to changes in the genetic values variances and / or consequently in the ranking of animals. In this study, we aimed at estimating growth curves for quails from two genetic groups, LF1 and LF2, fed with different threonine: lysine ratios in the diet. The non-linear models tested were Gompertz, Logistic, Richards and von Bertalanffy. We also aimed at predicting genetic parameters for the growth curve for body weight at 35 days of age, asymptotic weight, absolute growth rate and inflection point and assess the existence of genotype – environment interaction for the expression of these traits. In the first phase of the experiment, from birth to 21 days of age, quails were fed with diets containing 0.66, 0.71, 0.76, 0.81 and 0.86% of threonine: lysine ratio. From 22 to 35 days of age, quails received a diet containing 26.12% of crude protein and 2,900 kcal / kg. In the second phase, the quails were fed only with a diet containing 24.54% of crude protein and 2,900 ME / kg, from birth to 21 days old. From 22 to 35 days old quails were fed with diets containing 0.71, 0.76, 0.81, 0.86 and 0.91% of threonine: lysine ratio. The different growth curve models were adjusted and interactions were assessed by random regression models, considering the fixed effect of sex and the random effect of direct genetic additive effect, both as functions of the threonine:lysine ratio. The results showed that the Gompertz model provided the best fit for the growth curve of these quails. The heritability estimates were moderate to high for all the threonine: lysine ratios. The reaction norms demonstrated the existence of genotype - environment for threonine:lysine diet and, as a result, changes may occur in the breeding values or sort ordering for the genetic merit of the quails. Therefore, breeding programs must consider the levels of threonine: lysine in the diet of the quails, since it may interfere with the performance of the animals.

Keywords: Animal breedin, *Coturnix coturnix*, Genotype interaction - environment

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	8
1.1. CRIAÇÃO DE CODORNAS	8
1.2. CURVAS DE CRESCIMENTO.....	9
1.3. MODELOS PARA CURVA DE CRESCIMENTO	10
1.3.1. Modelo Gompertz.....	11
1.3.2. Modelo Logístico.....	11
1.3.3. Modelo Richards	12
1.3.4. Modelo von Bertalanffy.....	12
1.4. INTERAÇÃO GENÓTIPO - AMBIENTE	13
1.5. NUTRIÇÃO COMO FONTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL NA INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE.....	14
REFERÊNCIAS	15
 2. CAPÍTULO 1 - NORMA DE REAÇÃO PARA PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO EM CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS DO NASCIMENTO AOS 21 DIAS DE IDADE COM DIETAS CONTENDO DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA	19
RESUMO.....	19
ABSTRACT	20
INTRODUÇÃO	21
MATERIAL E MÉTODOS	22
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	28
CONCLUSÕES	40
REFERÊNCIAS	40
 3. CAPÍTULO 2 - CURVAS DE CRESCIMENTO E NORMAS DE REAÇÃO PARA CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS COM DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA NA DIETA DOS 22 AOS 35 DIAS DE IDADE	44
RESUMO.....	44
ABSTRACT	45
INTRODUÇÃO	46
MATERIAL E MÉTODOS,	47
RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
CONCLUSÃO	66
REFERÊNCIAS	66
 4. CONSIDERAÇÕES FINAIS	71

1. INTRODUÇÃO

1.1. CRIAÇÃO DE CODORNAS

Em meados do século XX a criação de aves deixou de ser produzida em pequena escala e se tornou uma grande indústria comercial avícola, provavelmente devido a melhorias nas condições ambientais e de criação (Narink et al., 2014). Desde então, com o intuito de aumentar cada vez mais a eficiência produtiva, programas de melhoramento genético e de nutrição foram desenvolvidos ao longo dos anos, tornando as aves cada vez mais produtivas e parte fundamental da cadeia alimentar.

As codornas, apesar de serem aves de pequeno porte, desempenham um papel importante na produção comercial, uma vez que as mesmas possuem potencial para a produção de carne e ovos. Geralmente, essas aves são criadas para a produção de carne em países europeus e americanos e para produção de ovos no oriente e países asiáticos (Narink et al., 2014).

No Brasil, a coturnicultura de corte também despertou interesse dos produtores que iniciaram a produção comercial em 1989 no Sul do país (Silva et al., 2012). Entretanto, nacionalmente a criação de codornas era amplamente explorada para a produção de ovos, sendo a carne considerada como um subproduto, de modo que as carcaças comercializadas provinham de matrizes destinadas ao descarte (Reis et al., 2014), o que comprometia a qualidade do produto visto que, aves mais velhas apresentam carnes mais duras (Garcia, 2002).

Com a expansão da coturnicultura no Brasil, que de 2005 para 2006 obteve um crescimento de 12,5%, o país se tornou o segundo maior produtor de ovos e o quinto maior produtor em carne de codornas no mundo (Silva & Costa, 2009). Acredita-se que todo esse desenvolvimento tenha sido estimulado pelo alto potencial produtivo em um pequeno espaço para a criação, baixo consumo de ração e alta taxa de crescimento, precocidade ao abate e carne com grande potencial proteico, além do baixo investimento e rápido retorno financeiro (Pinto, et al., 2002; Oliveira et al., 2014).

A criação de codornas para a produção de carne é considerada uma alternativa à produção de proteína animal, uma vez que promove menor impacto ao meio ambiente quando comparada à criação de frangos, os quais produzem maior volume de dejetos (Mori et al., 2005). Outro ponto positivo está na precocidade dessas aves. Enquanto os frangos necessitam

de 40 dias para atingirem a idade de abate, as codornas aos 28 dias já estão prontas e com a vantagem de possuírem uma proporção de peito na carcaça superior à dos frangos. Vale ressaltar ainda que as codornas são mais tolerantes ao calor e a doenças que normalmente afetam outras aves, além de possuírem uma grande capacidade reprodutiva, podendo atingir até cinco gerações por ano (Jordão Filho, 2008).

Segundo Beiki et al. (2013) as codornas têm sido foco principal nas pesquisas com aves por apresentarem baixo custo de produção e manutenção e um intervalo curto de gerações. Tanto na avicultura tradicional como na coturnicultura, a taxa de crescimento tem sido uma das principais e mais importantes características avaliadas nos programas de melhoramento animal, principalmente por despertar grande interesse das indústrias avícolas (Tholon & Queiroz, 2009; Beiki et al., 2013). Aggrey et al. (2003) ressaltam que as codornas de corte têm sido amplamente selecionadas para característica de alta taxa de crescimento nas quatro primeiras semanas. Segundo Barbato (1992) a seleção realizada sobre o peso em idades precoces promove aumento no peso corporal, na velocidade de crescimento inicial e na maturidade.

Assim, estudos que envolvam avaliações genéticas e nutricionais de codornas de corte devem ser conduzidos com o intuito de buscar o maior desempenho desses animais com o menor custo produtivo possível.

1.2. CURVAS DE CRESCIMENTO

O crescimento dos animais, segundo Owens et al. (1993), pode ser caracterizado como o aumento da massa dos tecidos do corpo que pode ser influenciado por interações entre fatores hormonais, genéticos e nutricionais. Este aumento corporal pode ser avaliado por intermédio de estudo das curvas de crescimento, sendo importante por possibilitar avaliar o comportamento de crescimento apresentado pelo animal ao longo do tempo. Para tanto, são utilizados modelos não-lineares para avaliar o crescimento corporal em função da idade dos animais (Freitas, 2005).

Em aves, este crescimento pode estar relacionado a diferentes fatores como a capacidade de ganho em peso do animal na espécie à qual ele pertence, o comportamento e as diferenças de precocidade entre os sexos (Mingnon-Grasteau & Beaumot, 2000; Tholon & Queiroz, 2009). Barbato & Vasilatos-Younken (1991) sugerem que o crescimento é influenciado de 5 a 10% por efeitos ligados ao sexo do animal. Para aves, em razão do

dimorfismo sexual durante o crescimento, os machos possuem peso superiores aos das fêmeas (Oguz et al., 1996). O contrario é observado em codornas durante a terceira e quarta semana onde as fêmeas possuem peso superior aos machos, sendo esta diferença atribuída ao peso vivo dos ovários e fígado (Móri et al., 2005).

A curva de crescimento animal se divide em três fases: ascendente ou crescente, que se refere à fase de progressão (aumento) da característica estudada; estabilização ou inflexão, que representa a mudança de direção, ou seja, a mudança do padrão entre a ascendência e a descendência da curva; e a descendente ou decrescente, que representa uma queda (diminuição) da característica avaliada. Dessa forma, o crescimento do animal pode ser representado de forma gráfica por uma curva que geralmente apresenta comportamento sigmoidal na maioria das espécies (Lôbo et al., 2006).

No melhoramento animal, as curvas de crescimento permitem a estimação de três ou quatro parâmetros biologicamente interpretáveis para características como peso adulto, taxa de crescimento, idade para o abate (Lôbo et al., 2006) ou qualquer outra variável quantitativa que se deseja avaliar em função do tempo. As curvas de crescimento também permitem avaliar o desempenho do animal em respostas aos tratamentos ao longo do tempo e estudar as interações existentes entre eles, detectar animais mais precoces e obter a variância entre e dentro de indivíduos nas avaliações genéticas (Freitas et al., 2005; Tholon & Queiroz, 2009), além de serem importantes para fornecerem informações sobre a variação genética e ambiental (Mansour et al., 1991).

Esta avaliação possibilita o planejamento de mudanças das curvas por meio de estratégias de seleção e alimentação, permitindo melhor acompanhamento do progresso genético, proporcionando melhor desempenho do animal e priorizando suas necessidades em cada fase de crescimento (Tholon & queiroz, 2009; Veloso, 2012; Drumond et al., 2013).

1.3. MODELOS PARA CURVA DE CRESCIMENTO

O uso de modelos matemáticos não lineares para descrever fenômenos bilológicos na produção animal tem sido amplamente utilizados, principalmente em programas de melhoramento genético.

De acordo com Lôbo et al. (2006), entre as funções não lineares as mais utilizadas na modelagem de curvas de crescimento das mais variadas espécies são von Bertalanffy (Von Bertalanffy, 1957), Richards (Richards, 1959), Logístico (Nelder, 1961) e Gompertz (Laird,

1965). Em diversos estudos para descrever o crescimento de aves, os mesmos modelos vem sendo sistematicamente testados ao longo dos anos (Mingnon-Grasteau & Beaumot, 2000; Freitas, 2005; Tholon & Queiroz, 2009; Narinc et al., 2010; Veloso, 2012; Beiki et al., 2013; Drumond et al., 2013; Rovadoscki, 2013). Isto demonstra que ainda existem divergências entre os pesquisadores em prever o modelo que melhor se ajusta às populações, as quais provavelmente estão sujeitas a fatores ambientais e genéticos envolvido nas análises durante as estimativas realizadas.

É de fundamental importância a escolha do modelo que melhor se ajusta aos dados estudados. Lôbo et al. (2006) ressaltam que o principal objetivo da modelagem das curvas esta na previsão do crescimento e da maturidade do animal, obtida por intermédio de estimativas para os parâmetros dessas curvas. Esses parâmetros são estimados para cada tipo de modelo e servem para predizer o comportamento de crescimento dos animais. A escolha de modelos não adequados e interpretações indevidas dos dados podem acarretar em estratégias equivocadas e prejudicar aos programas de melhoramento animal.

1.3.1. Modelo Gompertz

O modelo Gompertz foi desenvolvido por Benjamin Gompertz no ano de 1825 com o objetivo de estudar a natalidade e mortalidade humana. Ao contrário de outras funções, o modelo Gompertz considera sua massa corporal inicial diferente de zero, o que sugere que o animal já nasça com algum peso, o que na realidade é um fato real. Assim, o modelo foi desenvolvido sob a suposição de que a taxa de crescimento específico cai exponencialmente com o tempo (Veloso, 2012). O modelo Gompertz é descrito por:

$$Y_t = Ae^{-Be(-kt)} + \mathcal{E},$$

em que: ' Y ' = característica avaliada, ' A ' = peso assintótico ou peso médio a maturidade; ' B ' = constante de integração sem interpretação biológica; ' k ' = taxa de crescimento; ' t ' = idade; \mathcal{E} = erro

1.3.2. Modelo Logístico

O modelo logístico foi proposto no ano de 1838 por Verhulst, com o intuito de demonstrar a capacidade do crescimento de populações humanas. É caracterizado por expressar um rápido crescimento no início de seu desenvolvimento e posteriormente apresentar uma desaceleração até se manter estável, fazendo com que seja atingido o

crescimento máximo permitido biologicamente. Segundo Veloso (2012) o modelo logístico considera a velocidade de crescimento proporcional ao crescimento efetuado e o crescimento a efetuar. O modelo Logístico é descrito por:

$$Y_t = A (1 - Be^{-kt})^{-m} + \mathcal{E},$$

em que: ‘ Y ’ = característica avaliada, ‘ A ’ = peso assitótico ou peso médio a maturidade; ‘ B ’ = constante de integração sem interpretação biológica; ‘ k ’ = taxa de crescimento; ‘ t ’ = idade; \mathcal{E} = erro

1.3.3. Modelo Richards

Segundo Veloso (2012) o modelo de Richards é apontado por vários pesquisadores como sendo o modelo de crescimento mais completo. Apresenta quatro parâmetros que favorecem a interpretação biológica dos dados. Porém, Paz et al. (2004) relatam que o modelo apresenta dificuldades nos ajustes devido a não convergência o que provavelmente ocorre devido a alta correlação entre alguns parâmetros. O modelo de Richards é descrito por:

$$Y_t = A (1 - Be^{-kt})^m + \mathcal{E},$$

em que: ‘ Y ’ = característica avaliada, ‘ A ’ = peso assitótico ou peso médio a maturidade; ‘ B ’ = constante de integração sem interpretação biológica; ‘ k ’ = taxa de crescimento; ‘ t ’ = idade; \mathcal{E} = erro

1.3.4. Modelo von Bertalanffy

O modelo criado por von Bertalanffy pressupoe que o crescimento nada mais é do que a diferença existente entre a taxa de anabolismo e catabolismo dos tecidos do animal, ou seja, presuppõe que o crescimento é a diferença entre essas duas taxas (Paz et al., 2004). Segundo Scapim & Bassanezi (2008) este modelo pode ser considerado como uma modificação da curva de crescimento do modelo logístico, porém, sua finalidade está em acondicionar características metabólicas. O modelo de von Bertalanffy é descrito por:

$$Y_t = A (1 - Be^{-kt})^3 + \mathcal{E},$$

em que: ‘ Y ’ = característica avaliada, ‘ A ’ = peso assitótico ou peso médio a maturidade; ‘ B ’ = constante de integração sem interpretação biológica; ‘ k ’ = taxa de crescimento; ‘ t ’ = idade; \mathcal{E} = erro

1.4. INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE

Em produção animal é comum encontrar variabilidade para as características que possuem valor econômico. Esta variação, que ocorre no desempenho produtivo dos animais, são controladas por fatores genéticos, ambientais e por um fator conjunto existente entre estes dois efeitos, que é denominada como interação genótipo - ambiente. Esta interação ocorre quando o ambiente interfere na capacidade do animal em expressar todo seu potencial genético. Segundo Falconer & Mackay (1996) pode ser caracterizada pela diferença que os genótipos apresentam quando são expostos a ambientes distintos. Desta forma, muitas vezes animais geneticamente superiores não conseguem imprimir seu máximo produtivo por serem influenciados pelas condições às quais estão expostos, interferindo na sua produtividade.

De acordo com Georg et al. (2009) o efeito do genótipo sobre o desempenho do animal depende de circunstâncias ambientais a que o animal está sujeito. Falconer (1987) sugere que os genes que controlam as características em determinado ambiente podem ser diferentes daqueles que controlam em outro, podendo ser interpretadas como características distintas. Dessa forma, ambientes que apresentam melhores condições de expressão do genótipo, possibilitam uma melhor avaliação da capacidade de resposta produtiva dos animais, pois permitem estimativas mais seguras uma vez que minimizam a influência de fatores ambientais (Pereira, 2008). Ou seja, animais testados em determinados níveis nutricionais, idades específicas ou manejos diferenciados, podem não obter a mesma resposta quando submetidos a diferentes tratamentos.

As variações provocadas pela interação genótipo – ambiente também podem resultar em alterações das estimativas dos parâmetros genéticos, o que pode ocasionar mudanças nos critérios de seleção em função do ambiente no qual o animal será submetido (Alencar et al., 2005). Pereira (2008) ressalta que materiais genéticos testados e recomendados como geneticamente superiores para certas condições ambientais podem não apresentar o mesmo desempenho quando submetidos a condições ambientais diferentes.

A interação genótipo - ambiente, segundo Cruz et al. (2012), pode ser classificada como simples ou complexa. A simples é caracterizada pela diferença de variabilidade dos genótipos entre os ambientes, já a complexa indica a superioridade do genótipo em relação a variação ambiental, ou seja, genótipos superiores em um ambiente mas não em outro. Assim, a interação genótipo - ambiente complexa pode ser considerada como aquela onde ocorre o reordenamento dos animais em ambientes distintos.

Em codornas a interação genótipo - ambiente tem sido amplamente estudada com o intuito de avaliar se os níveis nutricionais das dietas promovem mudanças na estimativa dos parâmetros destes animais (Santos et al., 2008; Georg et al., 2009; Felipe et al., 2012; Mota et al., 2015). Desta forma, Pereira (2008) destaca a importância do estabelecimento de programas nacionais de avaliações genéticas que visem identificar animais superiores e ajustados ao ambiente no qual serão explorados.

1.5. NUTRIÇÃO COMO FONTE DE VARIAÇÃO AMBIENTAL NA INTERAÇÃO GENÓTIPO – AMBIENTE

No sistema de criação animal a alimentação é o fator que mais onera o custo produtivo. O mesmo pode ser observado na criação de codornas onde os gastos mais expressivos estão relacionados a alimentação das aves. De acordo com Silva et al. (2012) a proteína e a energia nas dietas cotribuem com quase a totalidade das despesas apresentadas no processo de criação. D'Mello (2003) ressalta que dos 20 aminoácidos exigidos pelas codornas apenas nove são considerados essenciais.

A eficiência da utilização da proteína pelo organismo dos animais é considerada baixa, uma vez que os mesmos liberam grande quantidade de nitrogênio nas excretas, podendo este excesso ser reduzido com base na formulação de dietas mais eficientes (Ton et al., 2013), visando baixo custo das rações e máximo desempenho dos animais. Esta alternativa pode reduzir a contaminação do ambiente pelas excretas dos animais e promover menor investimento da parte dos produtores, gerando maior lucratividade na atividade.

Em nutrição de aves a treonina é considerada como o terceiro aminoácido limitante na dieta, antecedido pela metionina e lisina em dietas à base de milho e farelo de soja. Porém, de acordo com Mandal et al. (2006), em codornas, a treonina é o segundo aminoácido limitante, sendo superado apenas pela metionina quando utilizado os mesmos ingredientes.

A treonina é considerada um aminoácido essencial para as aves, e está envolvida na síntese e secreção de mucina, amilase e crescimento da mucosa intestinal (Silva et al., 2012). Segundo Kidd (2000), a treonina corresponde, juntamente com a serina, a mais de 20% dos aminoácidos presentes nas penas das aves, sendo considerada um importante componente da dieta. A maior parte da treonina ingerida pelo animal é utilizada nos intestinos para exercer as funções de manutenção das aves (Corzo et al., 2007).

Silva et al. (2012) relatam que a grande maioria dos trabalhos estão concentrados no teor de lisina das dietas, sendo escassos os trabalhos que envolvam treonina.

REFERÊNCIAS

AGGREY, S.E.; ANKRA-BADU, G.A.; MARKS, H.L. Effect of long-term divergent selection on growth characteristics in japanese quail. **Poultry Science**, v.82, p.538-542, 2003.

ALENCAR, M. M.; MASCIOLLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

BARBATO, G.F. Genetic architecture of carcass composition in chickens. **Poultry Science**, v.71, n.5, p.789-798, 1992.

BARBATO, G.F.; VASILATOS-YOUNKEN, R. Sex-linked and maternal effects on growth in chickens. **Poultry Science**, v.70, p.709-718, 1991.

BEIKI, H.; PAKDEL, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; MEHRBAN, H. Evaluation of growth functions on japanese quail lines. **Japan Poultry Science Association**, v.50, p.20-27, 2013.

CORZO, A.; KIDD, M. T.; DOZIER III, W. A.; PHARR, G. T.; KOUTSOS, E. A. Dietary threonine needs for growth and immunity of broilers raised under different litter conditions. **Poultry Science**, v.16, p.574-582, 2007.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514p.
D'MELLO, J.P.F. **Amino acids in animal nutrition**. 2.ed. Wallingford: CABI Publishing, 2003. 546p.

DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C.; AMARAL, J.M.; BALOTIN, L.V.; PIRES, A.V.; MOREIRA, J. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. 1. ed. London: Longman, 1987. 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Harlow: Longman, 1996. 464p.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, n.64, v.4, p.991-1000, 2012.

FREITAS, A.R. Curvas de crescimento na produção animal. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.78-795, 2005.

GARCIA, E.A. **Codornas para a produção de carne**. In: SIMPÓSIO INTERNACIONAL DE COTURNICULTURA, Lavras, 1., 2002, Lavras. Anais... Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2002, p.97-108.

GEORG, P. C.; PAIVA, E.; CONTI, A. C. M.; MARTINS, E. N.; GASPARINO, E.; SANTOS, A. L. Interação genótipo x ambiente em codornas de postura alimentadas com ração com dois níveis de energia metabolizável. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.9, p.1706-1711, 2009.

JORDÃO FILHO, J. **Estimativas das exigências de proteína e de energia para manutenção, ganho e produção de ovos em codornas**. Tese (Doutorado em Zootecnia) – Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2008, 150p.

KIDD, M. T. Nutritional considerations concerning threonine in broilers. **World's Poultry Science Journal**, v.56, p.139-151, 2000.

LAIRD, A. K. Dynamics of relative growth. **Growth**, v.29, p.249-263, 1965. Disponível em: <<http://ukpmc.ac.uk/abstract/MED/5865687/reload=0;jsessionid=Cf2snUO2loCJzNppyDeU.125>>. Acessado em: 25-nov-2015.

LÔBO, R. N. B.; VILLELA, L. C. V.; LOBO, A. M. B. O.; PASSOS, J. R. S.; OLIVEIRA, A. A. Parâmetros genéticos de características estimadas de curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006.

MANDAL, A. B.; KAUR, S.; JOHRI, A. K.; ELANGO VAN, A. V.; DEO, C.; SHRIVASTAVA, H. P. Response of growing japaneses quais to dietary concentration of L-threonine. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v.86, p.793-798, 2006.

MANSOUR, H.; JENSEN, E.L.; JOHNSON, L.P. Analysis of covariance structure of repeated measurements in holstein conformation traits. **Journal of Dairy Science**, v.74, n.8, p. 2757-2766, 1991.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **Institut National de La Recherche Agronomique - Production Aniamal**, v.13, n.5, p.337-348, 2000.

MORI, C.; GARCIA, E.A.; PAVAN, A.C.; PICCININ, A.; PIZZOLANTE, C.C. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para a produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.870-876, 2005.

MOTA, L. F. M.; ABREU, L. R. A.; SILVA, M. A.; PIRES, A. V.; LIMA, H. J. D.; BONAFÉ, C. M.; COSTA, L. S.; SOUZA, K. A. R.; MARTINS, P. G. M. A. Genotype x dietary (methionine + cystine): Lysine ratio interaction for body weight of meat-type quails using reaction norm models. **Livestock Science**, v.182, p.137-144, 2015.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, Z.; AKSOY, T. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. **Jornal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; AKSOY, T.; FIRAT, M.Z. Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.93, p.24-30, 2014.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **International Biometric Society**, v.17, n.1, p.89-110, 1961. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/2527498>>. Acessado em: 18-nov-2015.

OGUZ, I.; ALTAN, O.; KIRKPINAR, F.; SETTAR, P. Body weights, carcass characteristics, organ weights, abdominal fat and lipid content of liver and carcass on two lines of Japanese quail (*Coturnix coturnix japonica*), unselected and selected for four week body weight. **British Poultry Science**, v.37, n.3, p.579-588, 1996.

OLIVEIRA, R.G.; ABREU, L.R.A.; PINHEIRO, S.R.F.; DIAS, P.C.; PINTO, F.M.P.; PIRES, A.V.; DUMONT, M.A.; FERREIRA, C.B.; CASTRO, M.R. Codornas de corte em fase inicial de criação alimentadas com ração contendo níveis de proteína mantendo-se a relação proteína: lisina. **Zootecnia**, v.1, n.1, p.36-40, 2014.

OWENS, F.N.; DUBESKI, P.; HANSON, C.F. Factors that alter the growth and development of ruminants. **Jornal of Animal Science**, v.71, p.3138-3150, 1993.

PAZ, C. C. P.; PACKER, I. U.; FREITAS, A. R.; TAMBASCO-TALHARI, D.; REGITANO, L. C. A.; ALENCAR, M. M.; CRUZ, G. M. Ajuste de modelos não-lineares em estudos de associação entre polimorfismos genéticos e crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.6, p.1416-1425, 2004.

PEREIRA, J. C. C. **Melhoramento genético aplicado à produção animal**. 5. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2008. 617p.

PINTO, R.; FERREIRA, A.S.; ALBINO, L.F.T.; GOMES, P.C.; VARGAS JÚNIOR, J.G. Níveis de proteína e energia para codornas Japonesas em postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.31, n.4, p.1761-1770, 2002.

REIS, R.S.; BARRETO, S.L.T.; TORRES, R.A.; MUNIZ, J.C.L.; MENDONÇA, M.O.; VIANA, G.S.; RIBEIRO, C.L.N.; COSTA, S.L.; SANTOS, M. Proteína bruta e energia metabolizável para codornas de corte de um a 14 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.66, n.3, p.903-910, 2014.

RICHARDS, F. J. A flexible growth function for empirical use. **Jornal Experimental Botany**, v.10, n.2, p.290-301, 1959. Acessado em: <<http://www.jxb.oxfordjournals.org/content/10/2/290>>. Acessado em: 17-nov-2015.

ROVADOSCKI, G. A. **Modelos de curvas de crescimento e regressão aleatória em linhagens nacionais de frango caipira**. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2013, 109p.

SANTOS, G. G.; CORRÊA, B. D.; VALENTE, M. A.; CORRÊA, A. B.; FELIPE, V. P. S.; WANCESLAU, R. R. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SCAPIM, J.; BASSANEZI, R.C. Modelo de von Bertalanffy generalizado aplicado às curvas de crescimento animal. **Biomatemática**, n.18, p.1-14, 2008.

SILVA, J. H. V.; COSTA, F. G. P. **Tabela para codornas japonesas e europeias**. 2. ed. Jaboticabal, SP: FUNEP, 2009.

SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; COSTA, F.G.P.; LACERDA, P.B.; VARGAS, D.G.V.; LIMA, M.R. Exigências nutricionais de codornas. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, n.3, p.775-790, 2012.

THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Ciência Rural**, v.39, n.7, p.2261-2269, 2009.

TON, A. P. S.; FURLAN, A. C.; MARTINS, E. N.; BATISTA, E.; PASQUETTI, T. J.; CHERER, C.; QUADROS, T. C. O.; NONAKA, M. P. Exigência de treonina digestível para codornas de corte no período de 15 a 35 dias de idade. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.65, n.2, p.505-512, 2013.

VELOSO, R. C. **Padrão de crescimento, parâmetros de desempenho e divergência genética de genótipos de frangos tipo caipira**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, 2012, 64p.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, p.217-231, 1957. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/2815257>>. Acessado em: 23-nov-2015.

2. **CAPÍTULO 1 - NORMA DE REAÇÃO PARA PARÂMETROS DA CURVA DE CRESCIMENTO EM CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS DO NASCIMENTO AOS 21 DIAS DE IDADE COM DIETAS CONTENDO DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA**

RESUMO

Com o crescente interesse na criação de codornas e a alimentação sendo considerada como um dos principais responsáveis pelo custo de produção dessas aves, estudos que avaliem o comportamento genético dos animais em diferentes ambientes nutricionais têm se tornado importantes dentro dos programas de melhoramento animal. Objetivou-se com o trabalho avaliar a curva de crescimento dos animais, prever os parâmetros genéticos para as curvas de crescimento e avaliar a interação genótipo - ambiente em codornas de corte em diferentes relações de treonina:lisina na dieta. Foram utilizados dois grupos genéticos (LF1 e LF2) de codornas de corte alimentadas do nascimento aos 21 dias de idade com dietas contendo as seguintes relações de treonina:lisina 0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86%. Dos 22 aos 35 dias de idade as codornas receberam dieta única contendo 26,12% de proteína bruta e 2.900 kcal EM/kg. As curvas de crescimento foram ajustadas por meio dos modelos Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy. As análises de norma de reação foram realizadas com base no modelo animal utilizando modelos de regressão aleatória. As características avaliadas foram peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão. O modelo Gompertz apresentou melhor ajustamento dos dados, segundo os critérios de avaliação da qualidade de ajuste, para descrever as curvas de crescimento das codornas. As estimativas de herdabilidade foram de moderadas a altas, contudo apresentou variações para as diferentes relações de treonina:lisina na dieta das codornas. Houve interação genótipo - ambiente para as características avaliadas em ambos os grupos genéticos, com exceção do peso aos 35 dias de idade do grupo genético LF2 que não apresentou interação genótipo - ambiente. Com base nos resultados, os fatores nutricionais devem ser considerados nos programas de melhoramento de codornas de corte, uma vez que podem promoverem maior ou menor expressão dos valores genéticos dos animais.

Palavras chaves: Aminoácidos, *Coturnix coturnix*, Interação genótipo - ambiente, Melhoramento genético

ABSTRACT

The interest in quail production is increasing and the feed is considered as a major contributor to the cost of production of these birds. Therefore, studies about the genetic behavior of animals in different nutritional environments have become important for the animal breeding programs. In this study, we aimed at evaluating the animal growth curve to predict the genetic parameters for growth curves parameters and the genotype - environment quails in different threonine: lysine ratios in the diet. We used two genetic groups (LF1 and LF2) of quails fed from birth to 21 days of age with diets containing the following ratios threonine: lysine: 0.66, 0.71, 0.76, 0.81 and 0, 86%. From 22 to 35 days the quails received a diet containing 26.12% crude protein and 2,900 kcal / kg. Growth curves were adjusted by Gompertz, Logistic, Richards and von Bertalanffy models. The reaction norms were performed by the animal model using random regression models. The evaluated traits were weight at 35 days of age, asymptotic weight, absolute growth rate and inflection point. The Gompertz model showed a better adjustment for the data, based on the evaluation criteria of quality adjustment used. The heritability estimates were moderate to high, although varying for the different threonine: lysine ratios in the diet. There was interaction genotype - environment for the evaluated traits in both genetic groups, except for weight at 35 days of age of the genetic group LF2. According to these results, the nutritional factors should be considered in this quails breeding program, since they can cause higher or lower expression of breeding values.

Key words: Aminoacids, Animal breeding, *Coturnix coturnix*, Genotype interaction - environment,

INTRODUÇÃO

O crescente interesse na criação de codornas está relacionado a seu baixo custo de produção e ao rápido crescimento corporal, fornecendo aos consumidores alimento com ótimas qualidades nutricionais (Beiki et al., 2013; Oliveira et al., 2014).

Em codornas, a alimentação é o principal fator que influi nos custos de produção em razão de sua alta exigência em proteínas (Silva et al., 2012). As dietas são formuladas com base em vários aminoácidos e a falta de um desses aminoácidos, considerados essenciais, pode acarretar em deficiências nutricionais e comprometer seu desenvolvimento. Por outro lado, o excesso desses aminoácidos ao ser executado na dieta, pode promover contaminações dos solos resultando em gasto desnecessário e aumento do custo produtivo.

Em aves, uma das características produtivas que mais gera interesse é o crescimento corporal, que pode ser influenciado por diversos fatores, como a genética, ambiente, sexo, idade e a linhagem (Silva et al., 2004). As curvas de crescimento permitem relacionar o peso corporal da codorna com sua idade utilizando modelos não lineares que condensam grande volume de informação em pequeno conjunto de parâmetros biologicamente interpretados. O conhecimento dessas curvas possibilita o planejamento de estratégias que visem melhorar o desempenho dos animais podendo priorizar as necessidades nutricionais de cada fase de crescimento, obtendo-se assim, melhor retorno econômico (Silva et al., 2006).

Entende-se com isso que o uso de diferentes linhagens e níveis nutricionais em codornas pode alterar a curva de crescimento dessas aves. O fornecimento de dietas que apresentam relações de aminoácidos ideais permite o máximo desenvolvimento corporal desses animais.

De acordo com Barbato (1992) e Mignon-Grasteau et al. (2000), os parâmetros da curva de crescimento são hereditários. Dessa forma, o conhecimento desses parâmetros torna-se importante em programas de melhoramento animal, uma vez que eles podem ser utilizados como critérios seleção visando o ganho genético ao longo das gerações.

Diversos estudos demonstram que os níveis nutricionais fornecidos nas dietas das codornas podem proporcionar alterações nos valores genético dessas aves (Santos et al., 2008; Felipe et al., 2012; Mota et al. 2015). As diferentes relações de aminoácidos podem promover maior ou menor capacidade das codornas em expressar seu potencial genético. Esta

interferência do ambiente sobre a capacidade genética do animal é denominada interação genótipo - ambiente (Georg et al. 2009).

Dessa forma, objetivou-se comparar modelos não lineares para descrever a curva de crescimento de dois grupos genéticos de codornas de corte, avaliar os parâmetros genéticos e a existência de interação genótipo – ambiente para peso corporal aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento e ponto de inflexão, para as variações das relações treonina:lisina nas dietas.

MATERIAL E MÉTODOS

Animais, Manejo e Dieta

Foram utilizadas informações de um banco de dados constituído por 1.189 progênies descendentes de 80 reprodutores e 160 matrizes de dois grupos genéticos (LF1 e LF2) de codornas de corte pertencentes ao programa de melhoramento genético de codornas do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG.

As codornas foram identificadas com anilhas no dia do nascimento e distribuídas aleatoriamente em cinco boxes de 6,0 m² cada, localizados em aviário coberto e aquecido com lâmpadas de infravermelho (250 W) do nascimento aos 21 dias de idade. Durante a fase inicial (do nascimento aos 21 dias de idade) as codornas de cada box receberam dieta contendo diferentes relações de treonina:lisina (0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86%) com 24,54% PB e 2,900 kcal EM/kg (Tabela 1). Na segunda fase (dos 22 aos 35 dias de idade) o aquecimento artificial foi retirado e todas as aves foram alimentadas com dieta única contendo 26,12% de proteína bruta e 2900 EM/Kg (Tabela 2). Foram fornecidas dieta e água “ad libitum” durante o período experimental, a pesagem das codornas foi realizada semanalmente durante todo o experimento e o sexo das aves foi determinado aos 28 dias.

Tabela 1. Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 do nascimento ao 21º dia de idade, submetidas a diferentes relações treonina:lisina

Ingredientes	Relações treonina:lisina				
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
Milho Moído	48,96	48,96	48,96	48,96	48,96
Farelo de Soja (45% PB)	44,82	44,82	44,82	44,82	44,82
Óleo de soja	1,61	1,61	1,61	1,61	1,61
Calcário	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10	1,10	1,10	1,10	1,10
Sal Comum	0,38	0,38	0,38	0,38	0,38
Mistura Mineral ¹	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Mistura Vitaminica ²	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Antioxidante ³	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
DL- Metionina (99%)	0,37	0,37	0,37	0,37	0,37
L- Treonina	0,00	0,05	0,12	0,19	0,25
L- Isoleucina	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09
L- Arginina	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
L-Glutâmico	0,30	0,25	0,18	0,11	0,05
Amido	0,50	0,50	0,50	0,50	0,50
Total (%)	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Proteína Bruta (%)	24,54	24,54	24,54	24,54	24,54
Cálcio (%)	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32
Sódio (%)	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
Fibra bruta (%)	3,27	3,27	3,27	3,27	3,27
Aminoácidos digestíveis (%)					
Lisina	1,25	1,25	1,25	1,25	1,25
Metionina +Cistina	1,02	1,02	1,02	1,02	1,02
Triptofano	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28
Treonina	0,83	0,89	0,95	1,01	1,07
Arginina	1,80	1,80	1,80	1,80	1,80
Isoleucina	1,07	1,07	1,07	1,07	1,07
Valina	1,04	1,04	1,04	1,04	1,04

¹Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

²Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³ Butil-hidróxi-tolueno.

⁴Salinomicina 12%

Tabela 2. Composição da dieta fornecida a codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 de 22 aos 35 dias de idade

Ingrediente	Composição (%)
Milho Moído	50,97
Farelo de Soja (45% PB)	34,11
Glúten de Milho (60%)	10,00
Calcário Calcítico	1,22
Fosfato Bicálcico	1,16
Sal Comum	0,38
Mistura Mineral ⁽¹⁾	0,20
Mistura Vitaminica ⁽²⁾	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01
L- Lisina HCl (78%)	0,23
DL- Metionina (99%)	0,25
L- Treonina	0,12
L- Isoleucina	0,06
L- Arginina	0,34
L-Glutâmico	0,24
Amido	0,51
Total (%)	100,00
Composição calculada	
Energia Metabolizável (kcal/kg)	2900,00
Proteína Bruta (%)	26,12
Cálcio (%)	0,850
Fósforo Disponível (%)	0,320
Sódio (%)	0,170
Fibra Bruta (%)	2,720
Aminoácidos digestíveis (%)	
Lisina	1,250
Metionina +Cistina	1,010
Triptofano	0,212
Treonina	0,987
Arginina	1,798
Isoleucina	1,075
Valina	1,104

⁽¹⁾Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

⁽²⁾Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁: 2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆: 5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

Curvas de Crescimento

A avaliação da curva de crescimento dos animais foi realizada utilizando o comando “proc NLIN” do *Statistical Analysis System*® (SAS Institute, 2002), pelo método dos quadrados mínimos ordinários com o algoritmo de Gauss-Newton, descrito por Hartley (1961). O critério de convergência para as estimativas foi considerado quando $[(SQR_{j-1} - SQR_j)/(SQR_j + 10^{-6})] \leq 10^{-8}$, em que: SQR_j é a soma de quadrado residual na iteração j .

Para avaliar o modelo que melhor se ajustava aos dados foi utilizada a curva média para machos e fêmeas de cada grupo genético. Após a escolha do melhor modelo os dados foram ajustados separadamente para sexo e grupo genético em cada relação treonina:lisina para avaliar o efeito do aminoácido sobre os parâmetros de crescimento. Para obter a curva de crescimento das codornas foram ajustados os modelos Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy (Tabela 3).

Tabela 3. Modelos não lineares utilizados para descrever as curvas de crescimento do nascimento aos 35 dias de idade de dois grupos genéticos (LF1 e LF2) de codornas de corte

Modelo	Equação	Referência
Gompertz	$y_t = Ae^{-Be^{(Kt)}} + \varepsilon$	LAIRD (1965)
Logístico	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^{-m} + \varepsilon$	NELDER (1961)
Richards	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^m + \varepsilon$	RICHARDS (1959)
von Bertalanffy	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^3 + \varepsilon$	VON BERTALANFFY (1957)

y_t peso corporal do animal em relação a t ; A é o peso assintótico ou peso adulto do animal quando $t \rightarrow \infty$; K mede a variação da velocidade de crescimento e está associado a taxa de maturidade, onde valores indicam animal de crescimento lento ; b é a constante de integração, onde sua função é modelar a forma da curva de crescimento, porém não possui função biológica; m é a constante do modelo.

Para avaliar o modelo que melhor se ajustou aos dados foram utilizados os critérios de coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}); quadrado médio do erro (QME); valor do critério de Akaike (AIC); valor do critério de informação bayesiano (BIC); desvio médio absoluto (DMA); desvio padrão assintótico (DPA); e índice assintótico (IA).

O R^2_{aj} foi calculado por $R^2_{aj} = ((n-1)R^2 - p)/(n-p-1)$, em que p refere-se ao número de parâmetros da função, n ao número de observações e R^2 ao coeficiente de determinação. O

quadrado médio do erro (QME) foi calculado dividindo-se a soma de quadrados do resíduo pelo número de graus de liberdade. O critério de Akaike (AIC), descrito por Akaike (1974), foi calculado por $AIC = -2\loglike - 2p$, em que p é o número de parâmetros e \loglike é o valor do logaritmo da função de verossimilhança considerando as estimativas dos parâmetros. O critério de informação bayesiano (BIC), proposto por Schwarz (1978), foi calculado por $BIC = -2\ln L + p\ln(n)$, sendo L o valor maximizado da função de verossimilhança do modelo estimado, p ao número de parâmetros, n ao número de observações utilizadas para ajustar a curva e \ln é o logaritmo natural. O índice assintótico (IA), descrito por Ratkowsky (1990), combina os critérios de desvio padrão assintótico (DPA), desvio médio absoluto (DMA) e R^2_{aj} . O DPA foi calculado pela raiz quadrada do quadrado médio do resíduo. O DMA, proposto por Sarmento et al. (2006), foi calculado por $DMA = \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}| / n$. Atribuiu-se o valor de 100 para a maior estimativa de cada critério, sendo os demais ponderados em relação a este, assim $IA = (DPA + DMA) - R^2_{aj}$.

A partir do modelo que melhor se ajustou as curvas de crescimento, foi feita a derivada para obter as características de taxa de crescimento absoluto (TCA) e ponto de inflexão (IPT). Assim o $TCA = A * b * k e^{(-be^{(-kt)})} e^{(-kt)}$ e $IPT = \text{Log}(b)/k$ (Malhado et al., 2009). O peso assintótico (PA), representado pelo parâmetro “A”, e peso corporal aos 35 dias de idade (P35) também foram avaliados.

Análises Genéticas

Foram utilizados 4.441 registros de pesos corporais de codornas de corte dos grupos genético LF1 e LF2, coletados semanalmente do nascimento aos 35 dias de idade. Codornas sem identificação de sexo e com menos de quatro medidas corporais foram retiradas do banco de dados que foi composto de identificação do animal, pai, mãe, sexo, peso corporal à idade de avaliação e a relação treonina:lisina. Para a realização da consistência dos dados foram excluídas informações abaixo ou acima de três desvios-padrão em relação à média da característica.

Foi utilizado modelo animal uni-característico, sendo testado o sexo como efeito fixo e o efeito genético aditivo direto do animal como efeito aleatório para as características P35, PA, TCA e IPT. As análises de regressão aleatória foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre de segunda ordem.

O modelo utilizado nas análises foi definido como: $y_{hij} = \sum_{k=0}^l b_{jk} \Phi_k(p_i) + \sum_{k=0}^l a_{hk} \Phi_k(p_i) + e_{hij}$, em que: y_{hij} é a observação do animal h , do sexo j , alimentado com a dieta i ; b_{jk} é o coeficiente de regressão fixo k , associado ao polinômio de Legendre, atribuído ao sexo j ; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k referente ao efeito genético aditivo direto atribuído ao animal h ; $\Phi_k(p_i)$ é o polinômio de Legendre k normalizado atribuído à relação treonina:lisina na coleta da observação i ; e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} .

Em notação matricial, o modelo é descrito como $y = Xb + Za + e$, em que y é o vetor de observações; b é o vetor de coeficientes de regressão da trajetória fixa e de cada sexo; a é o vetor de coeficientes de regressão aleatória atribuídos aos efeitos genéticos aditivos diretos; X e Z são matrizes de incidência de efeitos em b e a , contendo polinômios de Legendre relativos ao valor da variável controle adotada (relação treonina:lisina); e e é o vetor de resíduos. Adicionalmente assume-se que: $E(y) = X\beta$; $G = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab} \\ \sigma_{ab} & \sigma_b^2 \end{bmatrix}$; $V(y) = Z(A \otimes G)Z' + I_n \sigma_e^2$; e $V \left(\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \right) = \begin{bmatrix} A \otimes G & \Phi \\ \Phi & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}$, em que σ_a^2 e σ_b^2 são componentes de variância atribuídos aos coeficientes do polinômio de Legendre referente ao intercepto e a inclinação do efeito genético aditivo direto, σ_{ab} é o componente de covariância entre o intercepto e a inclinação da norma de reação, σ_e^2 é o componente de variância residual, para considerar a heterogeneidade de variância, foram assumidas até 4 classes, A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright e n é o número de observações.

Para obtenção da covariância genética aditiva entre a relação treonina:lisina i e h utilizou-se a fórmula $\sigma_{a_{ih}} = Z_i G Z_h'$, em que $Z_i = [\Phi_0(i) \quad \Phi_1(i)]$ e $Z_h = [\Phi_0(h) \quad \Phi_1(h)]$.

A estimativa da herdabilidade foi calculada em função do nível de treonina:lisina fornecida na dieta por meio da equação $h_i^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_e^2}$, onde i representa a relação treonina:lisina; e σ_e^2 representa a variância residual homogeneidade de variância e obtido por $\sigma_e^2 | x = \sigma_e^2 \hat{n}^x$ no modelo que considera heterogeneidade de variância no qual n é variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (x).

Os componentes de covariância foram estimados pelo programa Wombat (Meyer, 2007) utilizando o algoritmo “Average Information” da Máxima Verossimilhança Restrita (AIREML). O critério de convergência assumido foi de 10^{-9} . As funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva e a herdabilidade direta em função da relação treonina:lisina da dieta.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se que com o aumento de idade das codornas, as mesmas obtiveram ganhos de peso corporal progressivos para ambos os grupos genéticos avaliados (Tabela 4). As idades de 28 e 35 dias foram as que apresentaram menores valores para os coeficientes de variação (CV), demonstrando menor variabilidade fenotípica dos dados avaliados nessas idades.

Tabela 4. Estatísticas descritivas dos dados de peso corporal coletados em codornas de corte alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina

Grupo Genético	Idade	Relação treonina:lisina					SEM	SD	CV(%)
		Média							
		0,66	0,71	0,76	0,81	0,86			
LF1	0	9,47	9,71	9,57	9,52	9,47	0,03	1,04	10,99
	7	33,05	36,61	37,22	35,75	33,67	0,18	4,73	13,35
	14	82,51	88,62	89,10	91,32	92,44	0,41	10,66	13,50
	21	150,21	155,66	152,63	158,19	160,83	0,59	15,52	10,32
	28	218,15	220,85	215,51	224,52	227,85	0,74	19,09	8,63
	35	268,98	271,45	272,91	272,27	275,61	0,91	23,03	8,46
LF2	0	9,22	9,24	9,25	9,18	9,22	0,03	0,85	9,29
	7	31,13	35,43	34,92	34,22	32,50	0,19	4,48	13,29
	14	80,07	86,69	84,67	89,57	89,51	0,42	9,91	11,54
	21	145,09	152,54	145,65	155,76	154,76	0,63	14,72	9,78
	28	210,32	216,29	206,72	218,99	219,02	0,78	18,33	8,56
	35	259,35	264,92	263,35	265,01	262,36	0,97	22,76	8,65

SEM = erro quadrático da média; SD = desvio padrão; CV = coeficiente de variação.

Critério de escolha do modelo de curva de crescimento

O modelo Gompertz foi o que apresentou os menores valores para os critérios de qualidade de ajuste quando comparados os grupos genéticos e os sexos, com exceção do R^2_{aj} que obteve valores similares para todos os modelos (Tabela 5). Esses resultados sugerem que o R^2_{aj} não deve ser considerado como critério para escolha de modelos, uma vez que apresentou valores altos e equivalentes para todos os grupos genéticos estudados. Valores

elevados para R^2_{aj} também foram relatados por Narinc et al. (2010) e Mota et al. (2015a) em estudos com codornas.

O quadrado médio do erro (QME) apresentou pouca variação entre os quatro modelos avaliados. Estes resultados sugerem que os modelos apresentaram ajustes equivalentes para as curvas de crescimento, não sendo um critério indicado para escolha do modelo.

Os critérios AIC, BIC, DMA, DPA e IA estimados pelo o modelo Gompertz foram os que apresentaram menores valores, indicando que este modelo melhor se ajustou aos dados de crescimento de codornas. Drumond et al. (2013) e Mota et al. (2015a), em estudos com codornas de corte, verificaram que os modelos que apresentaram menores valores para DMA, DPA e IA foram os que melhor descreveram as curvas de crescimento. Segundo Araújo et al. (2009) o IA é o mais indicado para escolha de modelos de curva de crescimento, sendo este considerado o mais completo.

Tabela 5. Critérios de qualidade de ajustes para os modelos não lineares utilizados para descrever o crescimento de codornas (LF1 e LF2) de 1 a 21 dias de idade

Modelo	Grupo Genético	Sexo	Critério de Qualidade de Ajuste						
			$R^2_{aj}(\%)$	QME	AIC	BIC	DMA	DPA	IA
Gompertz	LF1	Macho	97,84	187,00	15744,10	15749,60	9,25	13,67	42,15
		Fêmea	98,10	187,00	15840,60	15846,20	9,17	13,67	22,24
	LF2	Macho	97,80	179,80	13258,10	13263,50	9,18	13,41	41,45
		Fêmea	98,05	179,70	13064,60	13070,00	8,99	13,40	22,00
Logístico	LF1	Macho	97,84	187,70	15750,40	15756,00	9,41	13,70	43,07
		Fêmea	98,09	188,00	15850,20	15855,70	9,41	13,71	23,10
	LF2	Macho	97,79	180,30	13261,70	13267,20	9,33	13,42	42,19
		Fêmea	98,04	180,90	13074,00	13079,40	9,28	13,44	25,00
Richards	LF1	Macho	97,84	187,20	16531,30	16536,90	22,60	13,68	101,29
		Fêmea	98,10	187,10	17437,70	17443,30	43,08	13,67	100,96
	LF2	Macho	97,80	180,00	13968,00	13973,40	22,79	13,41	101,17
		Fêmea	98,05	179,80	14251,70	14257,10	39,05	13,41	101,21
von Bertalanffy	LF1	Macho	97,80	190,70	15779,10	15784,70	9,64	13,80	44,85
		Fêmea	98,07	190,50	15874,70	15880,30	9,47	13,80	23,91
	LF2	Macho	97,75	183,70	13291,10	13296,50	9,60	13,55	44,37
		Fêmea	98,02	182,70	13089,60	13095,00	9,35	13,51	25,92

R^2_{aj} = coeficiente de determinação ajustado; QME = quadrado médio do erro; AIC = critério de informação de Akaike; BIC = critério de informação bayesiano; DMA = desvio médio absoluto; DPA = desvio padrão assintótico; IA = índice assintótico; LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2.

Diante desses resultados, admitiu-se que o modelo Gompertz foi o mais adequado para descrever as curvas de crescimento das codornas de corte, machos e fêmeas de cada um dos grupos genéticos LF1 e LF2.

Curvas de crescimento

Observa-se que a característica PA, representada pelo parâmetro “A” obteve maiores estimativas para as fêmeas em comparação com as descritas para os machos (Tabela 6). O mesmo foi relatado por Móri et al. (2005) e Drumont et al. (2013) em estudos com codornas, sugerindo que as fêmeas são mais pesadas que os machos. De acordo com Rajini & Narahari (1998) o acúmulo de gordura das fêmeas e o desenvolvimento do aparelho reprodutivo podem ser responsáveis por essa diferença.

Tabela 6. Estimativas dos parâmetros das curvas de crescimento pelo modelo Gompertz para codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2 alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina.

Grupo Genético	Sexo	Relação treonina:lisina					SD	CV(%)	Min	Max	
		Média									
		0,66	0,71	0,76	0,81	0,86					
LF1	Macho	A	361,39	359,97	365,08	344,07	357,21	41,95	11,74	237,89	445,96
		b	4,09	3,89	3,75	3,94	4,06	0,26	6,46	3,30	5,04
		k	0,07	0,07	0,07	0,08	0,08	0,01	12,71	0,06	0,12
		IPT	19,84	18,77	19,13	17,83	18,38	2,30	12,23	13,48	24,84
		TCA	6,66	6,74	6,65	6,69	6,88	2,50	37,15	1,45	11,62
	Fêmea	A	388,14	388,23	393,68	370,37	372,63	40,49	10,61	210,14	449,77
		b	4,15	3,91	3,88	3,97	4,13	0,39	9,72	3,40	7,00
		k	0,07	0,07	0,07	0,08	0,08	0,01	15,98	0,06	0,15
		IPT	19,55	19,36	19,58	18,13	18,13	2,07	10,98	10,65	25,36
		TCA	7,17	7,11	7,15	7,15	7,20	2,70	37,75	0,38	13,56
LF2	Macho	A	347,85	350,95	385,55	327,22	344,45	49,05	13,99	197,89	494,67
		b	4,19	3,88	3,84	4,06	4,09	0,51	12,79	3,40	10,31
		k	0,07	0,07	0,07	0,08	0,08	0,01	17,68	0,05	0,18
		IPT	19,63	18,65	20,58	17,45	18,35	2,72	14,36	12,96	28,89
		TCA	6,39	6,59	6,63	6,45	6,65	2,48	38,04	2,05	12,78
	Fêmea	A	392,84	383,06	401,55	370,86	353,53	52,83	13,85	237,40	491,71
		b	4,13	4,00	3,84	4,03	4,13	0,32	7,94	3,47	6,20
		k	0,07	0,07	0,06	0,08	0,08	0,01	17,81	0,05	0,15
		IPT	20,11	19,40	21,29	18,53	18,12	2,66	13,61	12,16	27,73
		TCA	7,04	6,98	6,80	7,07	6,83	2,65	38,03	3,18	13,67

SD = desvio padrão; Min = valor mínimo; Max = valor máximo; A = peso assintótico ou peso médio a maturidade; b = constante de integração sem interpretação biológica; k = taxa de maturidade ou velocidade de crescimento do animal; IPT = ponto de inflexão; TCA = taxa de crescimento absoluto.

Os valores médios para o parâmetro “k”, variaram de 0,06 a 0,08, demonstrando que as relações treonina:lisina fornecidas nas dietas apresentaram pequenas mudanças na velocidade de crescimento dos animais. Os valores estimados para o parâmetro “k” foram similares aos referidos por Dumont et al. (2013). Segundo Garnero et al. (2005), os parâmetros “k” e “A” se correlacionam de forma negativa, ou seja, quanto maior a velocidade de crescimento menor o PA. Desta forma, o programa de melhoramento de codornas deve avaliar qual destas características atende melhor aos objetivos pretendidos.

As codornas apresentaram maiores taxas de crescimento entre 17 e 21 dias de idade, para ambos os sexos em cada grupo genético, nas diferentes relações de treonina:lisina fornecida na dieta (Tabela 6). Consequentemente nesse momento, observa-se o IPT, indicando que a partir dessa idade as codornas apresentaram mudanças no comportamento de crescimento. As taxas de crescimento aumentam de acordo com a idade que a codorna atinge o máximo e passam a decrescer a partir do ponto de inflexão (Figura 1). Desta forma, observa-se que a partir deste período, a taxa de crescimento começa a apresentar redução progressiva, fazendo com que o ganho de peso corporal das codornas se torne mais lento.

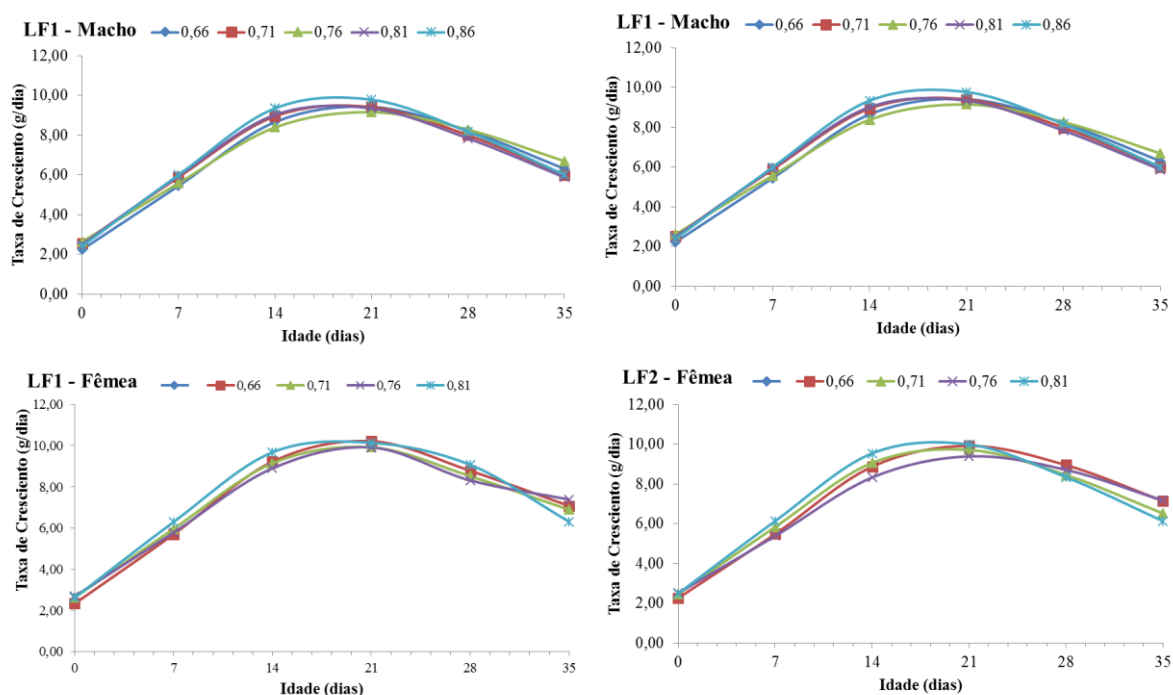


Figura 1. Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimada com base no modelo Gompertz, para codornas de corte alimentadas com diferentes relações treonina:lisina (0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86).

Estes resultados divergem dos encontrados por Silva et al. (2012) que, em estudos com codornas, relataram pico máximo de crescimento aos 27 dias de idade. A diferença entre os resultados pode ser atribuída a fatores genéticos ou ambientais que podem estar influenciando na expressão da característica.

Em produção de codornas, essas informações podem auxiliar na avaliação do comportamento de crescimento das aves, o que permite promover alterações nas estratégias nutricionais, buscando amenizar a redução da TCA após os 21 dias de idade.

As curvas de crescimento apresentaram padrões semelhantes de crescimento das codornas do nascimento aos 35 dias de idade nas diferentes relações treonina:lisina (Figura 2). Estes resultados sugerem não haver discrepância do crescimento dos animais em ralação as dietas fornecidas. No entanto, as fêmeas apresentaram maior peso corporal que os machos. A diferença se tornou mais evidente a partir dos 21 dias de idade. Estes resultados corroboram com os relatados por Barbato & Vasilatos-Younken (1991) e Móri et al. (2005), onde constataram fêmeas com maiores pesos que os machos, a partir da terceira semana de idade. Segundo os autores, esta diferencia se deve ao desenvolvimento do aparelho reprodutor das fêmeas.

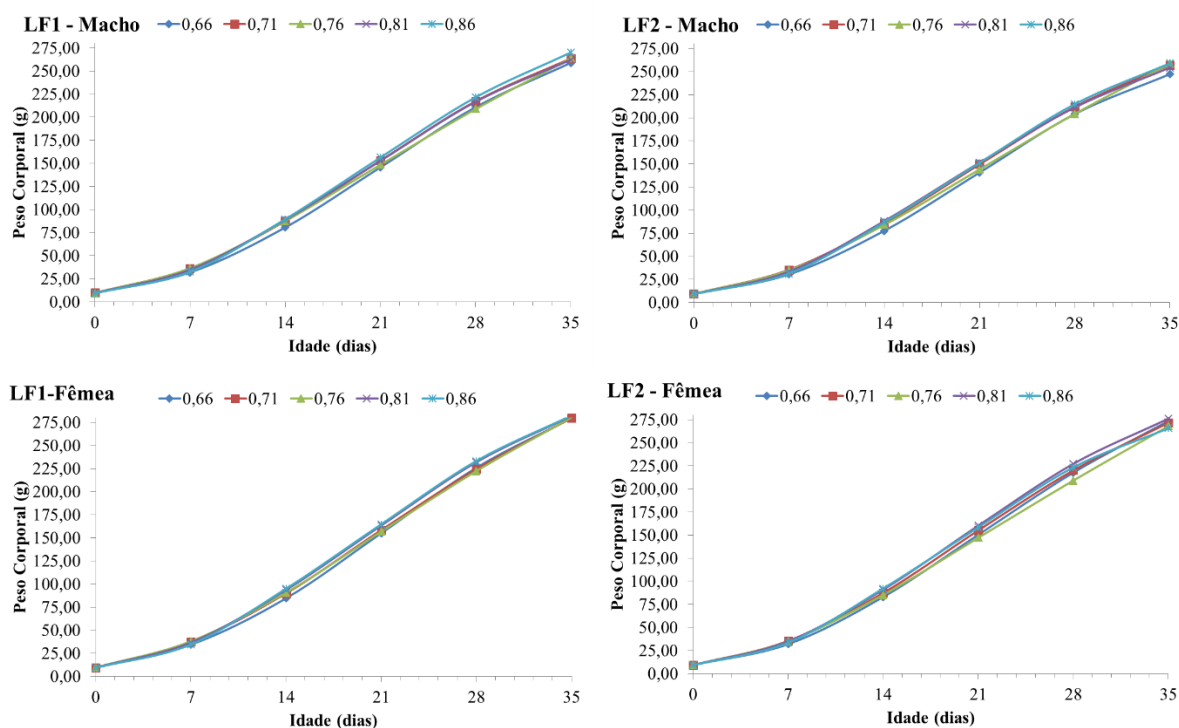


Figura 2. Curva de crescimento para codornas de corte alimentadas com diferentes relações treonina:lisina (0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86), segundo o modelo Gompertz.

O conhecimento do comportamento de crescimento das codornas contribui para o estabelecimento de estratégias nutricionais e de seleção, contribuindo para melhor desempenho das aves. Além disso, possibilita a determinação da melhor idade de abate dos animais proporcionando melhor avaliação da eficiência de ganho de peso nas várias fases da curva de crescimento.

Escolha do modelo de norma de reação

Para avaliar a interação genótipo - ambiente foi utilizado o modelo que apresentou menor valor de BIC, indicando assim, melhor ajuste em razão da redução do QME do modelo (Tabela 7).

Observa-se que para as características P35 e PA, para os grupos genéticos LF1 e LF2, o modelo que apresentou o menor valor de BIC foi o que considerou homogeneidade de variância residual. Para a característica TCA do grupo genético LF2, o modelo com homogeneidade de variância também foi o que apresentou menor valor de BIC. Para a característica IPT o modelo que considerou três e quatro classes de variância residual foi o que melhor se ajustou aos dados da LF1 e LF2, respectivamente. A característica TCA do grupo LF1 apresentou melhor ajustamento considerando três classes de variância residual.

Tabela 7. Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo critério de informação Bayesiano (BIC)

Característica	Variância residual	Ordem do polinômio	Nº Observações	NP	LogL	BIC
LF1						
P35	1 Classe	2	624	4	-2123,38	4257,95
	2 Classes	2	624	5	-2123,02	4260,03
	3 Classes	2	624	6	-2123,00	4262,78
	4 Classes	2	624	7	-2123,00	4265,57
PA	1 Classe	2	460	4	-1839,82	3690,30
	2 Classes	2	460	5	-1839,72	3692,77
	3 Classes	2	460	6	-1839,69	3695,36
	4 Classes	2	460	7	-1838,71	3696,07
TCA	1 Classe	2	620	4	-512,72	1036,61
	2 Classes	2	620	5	-505,23	1024,44
	3 Classes	2	620	6	-499,18	1015,12
	4 Classes	2	620	7	-499,15	1017,85
IPT	1 Classe	2	652	4	-583,50	1178,27
	2 Classes	2	652	5	-573,59	1161,27
	3 Classes	2	652	6	-562,75	1142,39
	4 Classes	2	652	7	-562,51	1144,74
LF2						
P35	1 Classe	2	524	4	-1799,47	3609,83
	2 Classes	2	524	5	-1798,70	3611,00
	3 Classes	2	524	6	-1798,68	3613,68
	4 Classes	2	524	7	-1797,84	3614,73
PA	1 Classe	2	508	4	-2203,33	4417,49
	2 Classes	2	508	5	-2203,31	4420,16
	3 Classes	2	508	6	-2203,32	4422,88
	4 Classes	2	508	7	-2203,04	4425,03
TCA	1 Classe	2	516	4	-404,26	819,38
	2 Classes	2	516	5	-404,26	822,09
	3 Classes	2	516	6	-404,16	824,60
	4 Classes	2	516	7	-403,52	826,03
IPT	1 Classe	2	537	4	-430,89	872,71
	2 Classes	2	537	5	-429,46	872,58
	3 Classes	2	537	6	-429,42	875,24
	4 Classes	2	537	7	-426,00	871,13

P35 = peso corporal aos 35 dias de idade; PA = peso assintótico; TCA = taxa de crescimento assintótico; IPT = ponto de inflexão; LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2; NP = número de parâmetros; LogL = logaritmo da função de verossimilhança; BIC = critério de informação bayesiano.

Estimativas de variâncias e herdabilidades

Na Tabela 8 estão apresentadas as variâncias genéticas, fenotípicas e residuais para as características de P35, PA, TCA e IPT para codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2.

Tabela 8. Variâncias genéticas (σ_A^2), fenotípicas (σ_F^2) e residuais (σ_R^2) para as características de P35, PA, TCA e IPT para codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2

Grupo Genético	Características	Variâncias	Relação treonina:lisina				
			0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
LF1	P35	σ_A^2	143,11	159,09	175,93	193,60	212,13
		σ_F^2	336,46	352,45	369,28	386,96	405,48
		σ_R^2	193,36	193,36	193,36	193,36	193,36
	PA	σ_A^2	218,91	242,90	280,32	331,17	395,44
		σ_F^2	1076,48	1100,48	1137,9	1188,75	1253,02
		σ_R^2	857,57	857,57	857,57	857,57	857,57
	TCA	σ_A^2	0,91	0,85	0,84	0,88	0,97
		σ_F^2	1,57	1,52	2,69	2,73	1,54
		σ_R^2	0,66	0,66	1,84	1,84	0,56
	IPT	σ_A^2	0,89	0,86	0,83	0,81	0,78
		σ_F^2	1,73	1,70	3,23	3,20	1,62
		σ_R^2	0,83	0,83	2,39	2,39	0,73
LF2	P35	σ_A^2	121,32	121,51	121,71	121,90	122,10
		σ_F^2	375,23	375,42	375,62	375,82	376,01
		σ_R^2	253,92	253,92	253,92	253,92	253,92
	PA	σ_A^2	1172,66	928,30	722,93	556,54	429,12
		σ_F^2	2719,8	2475,45	2270,08	2103,69	1976,28
		σ_R^2	1547,14	1547,14	1547,14	1547,14	1547,14
	TCA	σ_A^2	0,99	0,69	0,46	0,29	0,18
		σ_F^2	2,23	1,94	1,70	1,53	1,42
		σ_R^2	1,24	1,24	1,24	1,24	1,24
	IPT	σ_A^2	0,76	0,52	0,36	0,28	0,29
		σ_F^2	2,88	1,89	1,74	1,66	0,88
		σ_R^2	2,11	1,36	1,37	1,37	0,59

LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2; P35 = peso corporal aos 35 dias de idade; PA = peso assintótico; TCA = taxa de crescimento absoluto; IPT = ponto de inflexão.

Observa-se que as estimativas de herdabilidade apresentaram valores diferentes conforme a relação de treonina:lisina oferecida na dieta, para os grupos genéticos LF1 e LF2 com exceção da característica de P35 do grupo genético LF2 (Figura 3).

Para a característica P35 e PA para o grupo genético LF1, observou-se que o aumento da relação de treonina:lisina promoveu maiores estimativas da herdabilidade. Entretanto, o contrário foi observado no grupo genético LF2 onde P35, não apresentou mudanças na estimativa de herdabilidade e o PA, assim como a TCA, indicaram estimativas para herdabilidades decrescentes em função do aumento da relação treonina:lisina. A TCA, para o grupo genético LF1, e o IPT, para o grupo LF1 e LF2 obtiveram comportamentos semelhantes para as estimativas de herdabilidade, apresentando estimativas menores nas relações de treonina:lisina de 0,76 e 0,81.

As herdabilidades estimadas para este estudo podem, em sua grande maioria, serem classificadas de moderadas a altas. Em trabalhos com codornas, valores próximos aos observados neste estudo foram relatados por Narinc et al. (2010) e Narinc et al. (2014). Estes resultados indicam a existência de variabilidade genética de origem aditiva e sugerem que as características P35, PA, TCA e IPT podem responder a seleção ao longo das gerações.

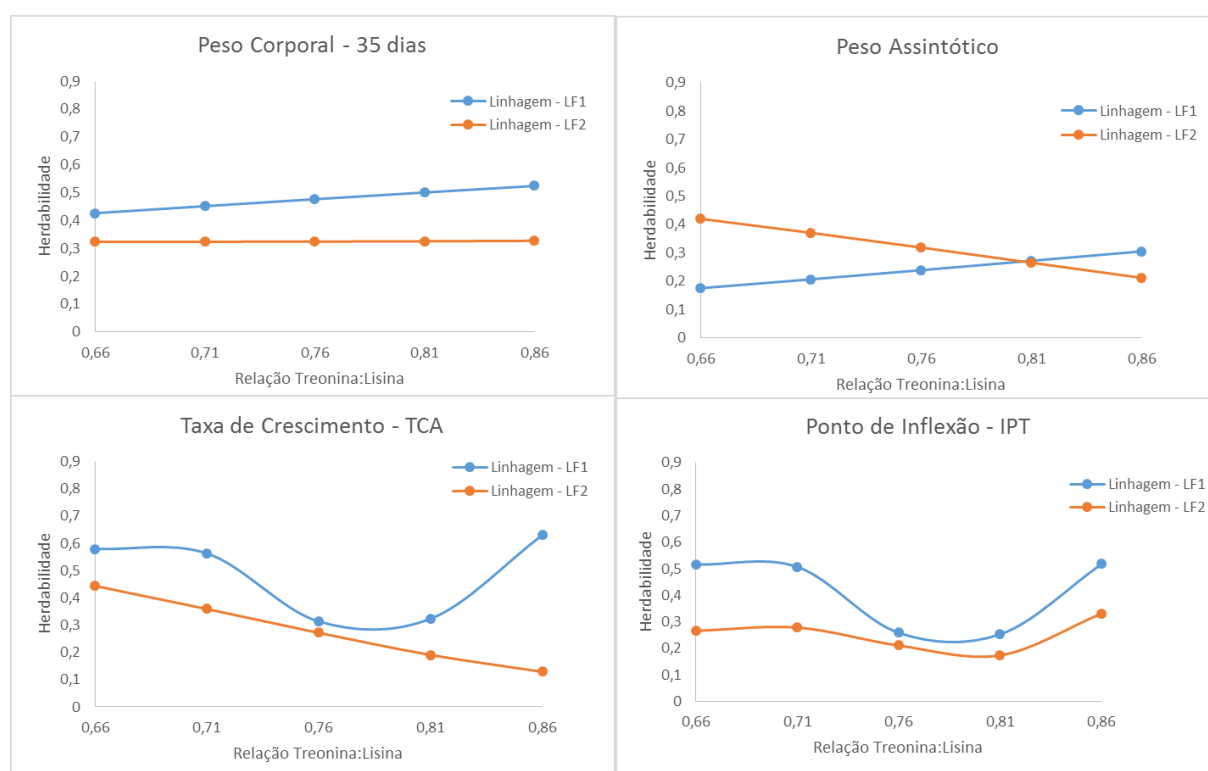


Figura 3. Herdabilidade (h^2) das características de crescimento de codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2, segundo as relações treonina:lisina.

Correlações genéticas e norma de reação

As correlações genéticas entre as relações de treonina:lisina para as características P35 e PA, nos grupos genéticos LF1 e LF2, apresentaram estimativas altas, acima de 0,90 indicando interação genótipo – ambiente apenas pela dispersão dos valores genéticos nos diferentes ambientes estudados (Tabela 9). De acordo com Robertson (1959), correlações genéticas com valores maiores que 0,80 indicam que a maioria dos genes responsáveis pela expressão de uma característica atuam de forma semelhante em diferentes ambientes. Correlações com valores próximos ou iguais a 1,0 sugerem a não existência de interação genótipo - ambiente. Por outro lado, este resultados corroboram os de Falconer (1989) que ressalta que valores menores que 1,0 para correlações genéticas entre duas características já indicam a existência de interação genótipo - ambiente, não podendo ser omitidas.

As correlações genéticas para as características TCA nos grupos genéticos LF1 e LF2 e para IPT no grupo LF2, apresentaram valores menores que 0,80 para algumas das relações treonina:lisina. Essas correlações indicam a existência de interação genótipo - ambiente que proporcionou o reordenamento do valor genético em função do gradiente ambiente (Figura 4). Esses resultados possuem implicações importantes e sugerem que o desempenho das codornas de corte avaliadas neste estudo, não seria o mesmo quando submetidas a diferentes ambientes nutricionais. Em estudos de interação genótipo - ambiente, pesquisadores reportaram que correlações genéticas menores que 0,80 são indicativas de interações genótipos - ambiente (Knap & Su, 2008; Pégolo et al., 2009; Cardoso & Tempelman, 2012, Mota et al.; 2015b).

Tabela 9. Correlações genéticas entre as relações de treonina:lisina para as características de peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão dos grupos genéticos LF1(diagonal inferior) e LF2 (diagonal superior)

Peso aos 35 dias de idade					
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,99 ^(±0,02)	0,99 ^(±0,03)	0,98 ^(±0,02)	0,97 ^(±0,01)
0,71	0,99 ^(±0,10)	-	0,99 ^(±0,02)	0,99 ^(±0,01)	0,98 ^(±0,01)
0,76	0,99 ^(±0,20)	0,99 ^(±0,02)	-	0,99 ^(±0,01)	0,99 ^(±0,03)
0,81	0,99 ^(±0,80)	0,99 ^(±0,08)	0,99 ^(±0,01)	-	0,99 ^(±0,02)
0,86	0,99 ^(±1,00)	0,99 ^(±0,09)	0,99 ^(±0,06)	0,99 ^(±0,01)	-
Peso assintótico					
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,99 ^(±0,22)	0,96 ^(±0,01)	0,93 ^(±0,03)	0,90 ^(±0,08)
0,71	0,98 ^(±0,02)	-	0,98 ^(±0,03)	0,97 ^(±0,06)	0,93 ^(±0,05)
0,76	0,95 ^(±0,01)	0,99 ^(±0,04)	-	0,99 ^(±0,02)	0,96 ^(±0,04)
0,81	0,90 ^(±0,03)	0,96 ^(±0,01)	0,99 ^(±0,03)	-	0,97 ^(±0,09)
0,86	0,86 ^(±0,09)	0,93 ^(±0,08)	0,97 ^(±0,02)	0,99 ^(±0,03)	-
Taxa de crescimento absoluto					
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,96 ^(±0,02)	0,94 ^(±0,045)	0,93 ^(±0,33)	0,77 ^(±0,95)
0,71	0,98 ^(±0,01)	-	0,98 ^(±0,35)	0,95 ^(±0,29)	0,84 ^(±0,45)
0,76	0,94 ^(±0,01)	0,98 ^(±0,08)	-	0,92 ^(±0,88)	0,89 ^(±0,33)
0,81	0,87 ^(±0,09)	0,94 ^(±0,07)	0,98 ^(±0,07)	-	0,91 ^(±0,22)
0,86	0,70 ^(±0,09)	0,88 ^(±0,09)	0,93 ^(±0,02)	0,96 ^(±0,03)	-
Ponto de inflexão					
	0,66	0,71	0,76	0,81	0,86
0,66	-	0,98 ^(±0,02)	0,91 ^(±0,45)	0,73 ^(±0,33)	0,43 ^(±0,95)
0,71	0,99 ^(±0,01)	-	0,97 ^(±0,35)	0,83 ^(±0,29)	0,57 ^(±0,45)
0,76	0,98 ^(±0,01)	0,97 ^(±0,08)	-	0,92 ^(±0,88)	0,76 ^(±0,33)
0,81	0,95 ^(±0,09)	0,95 ^(±0,07)	0,98 ^(±0,07)	-	0,93 ^(±0,22)
0,86	0,90 ^(±0,09)	0,89 ^(±0,09)	0,96 ^(±0,02)	0,99 ^(±0,03)	-

0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86 = relações de treonina:lisina fornecidas nas dietas.

Em consonância com as magnitudes das correlações genéticas obtidas, as codornas dos grupos genéticos LF1 e LF2 não apresentaram mudanças na ordem de classificação dos valores para P35, PA e para o IPT no grupo genético LF1 (Figura 4). O

mesmo resultado foi relatado por Mota et al. (2015b) em estudos com codornas alimentadas com diferentes relações de (Metionina + Cistina): Lisina, onde observaram mudança na sensibilidade dos valores genéticos sem reordenação para a característica P35. Assim, a seleção desses animais poderia ser realizada em qualquer um dos ambientes nutricionais sem resultar em mudanças na classificação dos animais.

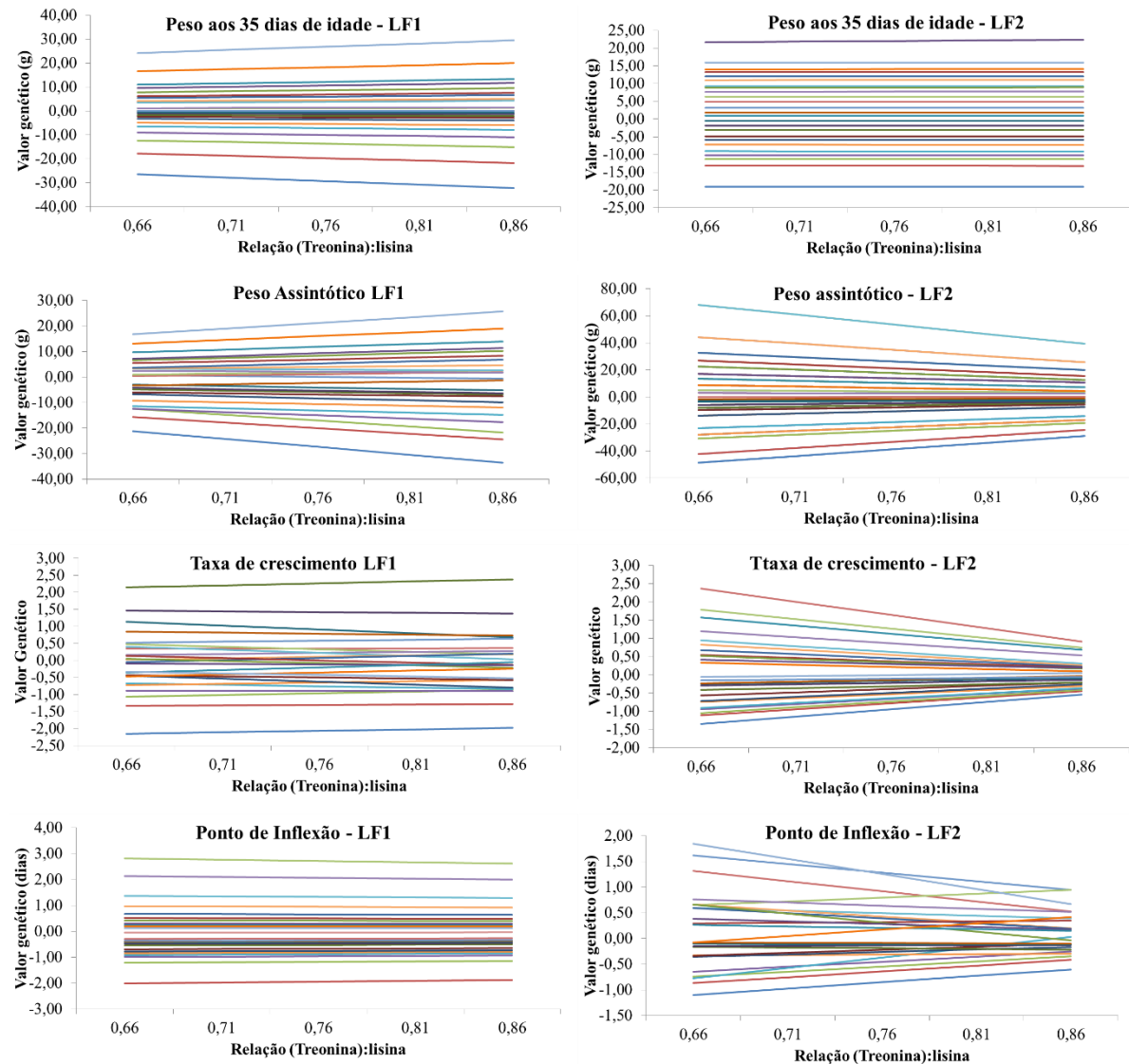


Figura 4. Normas de reação dos valores genéticos aditivos de 25 animais amostrados aleatoriamente, alimentados com dietas contendo diferentes relações de treonina:lisina do nascimento aos 21 dias de idade.

Para as demais características avaliadas TCA (LF1 e LF2) e IPT (LF2) os valores genéticos apresentaram modificações a medida que se alterava a relação treonina:lisina da dieta. Dessa forma, acredita-se que o valor genético previsto para determinada relação treonina:lisina não seja equivalente para as demais relações sugerindo que os genes envolvidos na expressão destas características respondem de maneira diferente ao ambiente nutricional a que ele é exposto.

A TCA do grupo genético LF1 assim como o IPT do grupo genético LF2 apresentaram dispersão dos valores genéticos com o aumento da relação treonina:lisina das dietas e apresentaram mudanças na ordem de classificação dos valores genéticos de algumas codornas. Estes resultados corroboram as correlações estimadas para estas duas características e demonstram que o reordenamento dos valores genéticos aconteceu apenas quando as correlações foram abaixo de 0,80.

Interações entre genótipo - ambiente mais expressivas dificultam os programas de melhoramento genético animal, uma vez que as codornas selecionadas em determinada relação de treonina:lisina da dieta não expressaram todo seu potencial genético quando sujeitadas a níveis diferentes destas relações aminoacídicas.

CONCLUSÕES

O modelo Gompertz apresenta melhor ajuste para descrever as curvas de crescimento em codornas de corte. Os parâmetros da curva de crescimento apresentaram influências nas diferentes relações de treonina:lisina.

As estimativas de herdabilidade foram de moderada a alta para as características estudadas, entretanto apresentaram variações de magnitude em função da relação treonina:lisina fornecida na dieta.

Há interação genótipo – ambiente para as características peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão, seja ela pelo aumento da dispersão dos valores genéticos ou pelo reordenamento dos valores genéticos dos animais.

REFERÊNCIAS

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, v.19, n.6, p.716-723, 1974.

ARAÚJO, R.O. **Componentes de covariâncias estimados por metodologia bayesiana para parâmetros biológicos obtidos por modelos não lineares para bubalinos da raça Murrah.** Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2009. 73p.

BARBATO, G.F. Genetic architecture of growth-curve parameters in chickens. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.24-32, 1992.

BARBATO, G.F.; VASILATOS-YOUNKEN, R. Sex-linked and maternal effects on growth in chickens. **Poultry Science**, v.70, p.709-718, 1991.

BEIKI, H.; PAKDEL, A.; MORADI-SHAHRBABA, M.; MEHRBAN, H. Evaluation of growth functions on japanese quail lines. **Japan Poultry Science Association**, v.50, p.20-27, 2013.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Linear reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal of Animal Science**, v.90, n.7, p.2130-2141, 2012.

DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C.; AMARAL, J.M.; BALOTIN, L.V.; PIRES, A.V.; MOREIRA, J. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics.** Essex: Longman Scientific & Technical, 1989.p. 438.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R.; VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, p.991-1000, 2012.

GARNERO, A. del V.; MARCONDES, C.R.; BEZERRA, L.A.; OLIVEIRA, H.N.; LÔBO, R.B. Parâmetros genéticos da taxa de maturação e do peso assintótico de fêmeas da raça Nelore. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.5, p.652-662, 2005.

GEORG, P. C.; PAIVA, E.; CONTI, A. C. M.; MARTINS, E. N.; GASPARINO, E.; SANTOS, A. L. Interação genótipo x ambiente em codornas de postura alimentadas com ração com dois níveis de energia metabolizável. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.38, n.9, p.1706-1711, 2009.

HARTLEY, H.O. The modified Gauss-Newton method for the fitting of nonlinear regression functions by least squares. **Thechnometrics**, v.3, p.269-280, 1961. Disponível em: <<http://www.jstor.org/pss/1266117>>. Acessado em: 30-nov-2015.

KNAP, P.W.; SU, G. Genotype by environment interaction for litter size in pig as quantified by reaction norms analysis. **Animal**, v.2, n.12, p.1742-1747, 2008.

LAIRD, A. K. Dynamics of relative growth. **Growth**, v.29, p.249-263, 1965. Disponível em: <<http://ukpmc.ac.uk/abstract/MED/5865687/reload=0;jsessionid=Cf2snUO2loCJzNpyyDeU.125>>. Acessado em: 25-nov-2015.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.S.L.; AFFONSO, P.R.A.M.; SOUZA JUNIOR, A.A.O.; SARMENTO, J.L.R. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brazilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo, e Santa Inês. **Small Ruminant Research**, v. 84, p. 16-21, 2009.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, v8, n.11, p.815-821, 2007.

MIGNON-GRASTEAU, S.; BEAUMONT, C. Les courbes de croissance chez les oiseaux. **Institut National de La Recherche Agronomique - Production Animal**, v.13, n.5, p.337-348, 2000.

MORI, C.; GARCIA, E.A.; PAVAN, A.C.; PICCININ, A.; PIZZOLANTE, C.C. Desempenho e rendimento de carcaça de quatro grupos genéticos de codornas para a produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.870-876, 2005.

MOTA, L.F.M.; ALCÂNTARA, D.C.; ABREU, L.R.A.; COSTA, L.S.; PIRES, A.V.; BONAFÉ, C.M.; SILVA, M.A.; PINHEIRO, S.R.F. Crescimento de codornas de diferentes grupos genéticos por meio de modelos não lineares. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.5 p.1372-1380, 2015a.

MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; SILVA, M.A.; PIRES, A.V.; LIMA, H.J.D.; BONAFÉ, C.M.; COSTA, L.S.; SOUZA K.A.R.; MARTINS, P.G.M.A. Genotype x dietary (methionine + cystine):lysine ratio interaction for body weight of meat-type quails using reaction norm models. **Livestock Science**, v.10, p.137-144, 2015b.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, Z.; AKSOY, T. Comparison of non-linear growth models to describe the growth in japanese quail. **Jornal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; AKSOY, T.; FIRAT, M.Z. Genetic parameter estimates of growth curve and reproduction traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.93, p.24-30, 2014.

NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **International Biometric Society**, v.17, n.1, p.89-110, 1961. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/2527498>>. Acessado em: 18-nov-2015.

OLIVEIRA, R.G.; ABREU, L.R.A.; PINHEIRO, S.R.F.; DIAS, P.C.; PINTO, F.M.P.; PIRES, A.V.; DUMONT, M.A.; FERREIRA, C.B.; CASTRO, M.R. Codornas de corte em fase inicial de criação alimentadas com ração contendo níveis de proteína matendo-se a relação proteína: lisina. **Zootecnia**, v.1, n.1, p.36-40, 2014.

PÉGOLO, N.T.; OLIVEIRA, H.N.; ALBUQUERQUE, L.G.; BEZERRA, L.A.F.; LÔBO, R.B. Genotype by environment interaction for-day weight of Nelore cattle analyzed by reaction norm models. **Genetics and Molecular Biology**, v.32, n.2, p.281-287, 2009.

RAJINI, R.A.; NARAHARI, D. Dietary energy and protein requirements of growing Japanese quails in the tropics. **Indian Journal of Animal Sciences**, v.68, n.10, p.1082-1086, 1998.

RATKOWSKY, D.A. **Handbook of nonlinear regression models**. New York and Basel, Marcel Dekker, 1990. 241p.

RICHARDS, F. J. A flexible growth function for empirical use. **Journal Experimental Botany**, v.10, n.2, p.290-301, 1959. Acessado em: <<http://www.jxb.oxfordjournals.org/content/10/2/290>>. Acessado em: 17-nov-2015.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v.15, p.469-485, 1959.

SARMENTO, J.L.R.; REGAZZI, A.J.; SOUZA, W.H. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p.435-442, 2006.

SANTOS G. G.; CORRÊA, G. S. S.; VALENTE, B. D.; SILVA, M. A.; CORRÊA, A. B.; FELIPE, V. P. S.; WENCESLAU, R. R. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, p.1188-1196, 2008.

SAS INSTITUTE. **Statistical analysis systems user's guide**. Version 9.1. Cary: SAS Institute Inc., 2002. 1052 p.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a model. **The Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SILVA, J.H.V.; SILVA, M.B.; JORDÃO FILHO, J.; SILVA, E.L.; ANDRADE, I.S.; MELO, A.A.; RIBEIRO, L.G.; ROCHA, M.R.F.; COSTAS, F.G.P.; DUTRA JUNIOR, W.M.D. Exigências de manutenção e de ganho em proteína e energia em codornas japonesas (*Coturnix coturnix japonica*) na fase de 15 a 32 dias. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.33, n.5, p.1220-1230, 2004.

SILVA, E.L.; SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; RIBEIRO, M.L.G.; COSTAS, F.G.P.; RODRIGUES, P.B. Redução dos níveis de proteína e suplementação aminoacídica em rações para codornas europeias (*Coturnix coturnix coturnix*). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.822-829, 2006.

SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; COSTA, F.G.P.; LACERDA, P.B.; VARGAS, D.G.V.; LIMA, M.R. Exigências nutricionais de codornas. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, n.3, p.775-790, 2012.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, p.217-231, 1957. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/2815257>>. Acessado em: 23-nov-2015

CAPÍTULO 2 - CURVAS DE CRESCIMENTO E NORMAS DE REAÇÃO PARA CODORNAS DE CORTE ALIMENTADAS COM DIFERENTES RELAÇÕES TREONINA:LISINA NA DIETA DOS 22 AOS 35 DIAS DE IDADE

RESUMO

As curvas de crescimento tem sido métodos frequentemente utilizados para avaliar o desempenho das aves, porém diferentes relações de aminoácidos fornecidas na dieta podem promover mudanças no comportamento desses animais. A existência dessas variações no desempenho das aves, em relação ao ambiente nutricional a qual estão submetidas, podem ser denominadas como interação genótipo - ambiente, devendo ser avaliada dentro dos programas de melhoramento animal. O trabalho teve como objetivo estimar as curvas de crescimento dos animais através dos modelos Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy, prever os parâmetros genéticos para as curvas de crescimento e avaliar a interação genótipo - ambiente em codornas de corte em diferentes relações de treonina:lisina na dieta. Foram utilizados dois grupos genéticos (LF1 e LF2) de codornas de corte alimentadas do nascimento aos 21 dias de idade com dieta única contendo 24,54% de proteína bruta e 2.900 kcal EM/kg. Dos 22 aos 35 dias de idade os animais receberam dietas contendo relações de 0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91% de treonina:lisina. As análises para descrever as curvas de crescimento foram realizadas pelos modelos não lineares e as de norma de reação pelo método de máxima verossimilhança restrita. As características avaliadas foram peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão. O modelo Gompertz foi o que apresentou melhor ajuste para descrever as curvas de crescimento das codornas. As relações de treonina:lisina na dieta das codornas influenciaram de forma diferente na taxa de crescimento das aves, bem como na estimativa das herdabilidades que se modificaram em função do nível de aminoácido avaliado. A interação genótipo - ambiente ocorreu para todas as características estudadas de ambos os grupos genéticos, variando de simples a complexas em função das relações avaliadas. Os programas de melhoramento animal devem avaliar a existência de interação genótipo - ambiente dentro de seus sistemas de seleção, uma vez que estes podem comprometer o desempenho das aves.

Palavras chaves: Aminoácidos, *Coturnix coturnix*, Interação genótipo - ambiente, Melhoramento genético

ABSTRACT

The growth curves have been frequently used as a method to evaluate the performance in poultry, but different aminoacid ratios provided in the diet may promote changes in the performance of these animals. The existence of these variations can be termed as genotype - environment interaction and must be evaluated within the animal breeding programs. The study aimed to estimate the quails growth curves by Gompertz, Logistic, Richards and von Bertalanffy models in order to predict the genetic parameters for growth curves parameters and to evaluate the genotype - environment interaction in different threonine : lysine ratios in the diet. Two genetic groups of quails were used (LF1 and LF2), which were fed from birth to 21 days of age with a diet containing 24.54% of crude protein and 2,900 kcal / kg. From 22 to 35 days of age the animals were fed with diets containing 0.71, 0.76, 0.81, 0.86 and 0.91% ratios of threonine: lysine. The analysis to describe the growth curves were performed by non-linear models and the reaction norms were estimated by the restricted maximum likelihood method. The evaluated traits were weight at 35 days of age, asymptotic weight, absolute growth rate and inflection point. The Gompertz model showed the best fit to describe the growth curves of the quails. Threonine: lysine ratios in the diet influenced in different magnitudes in quail growth rate as well as the estimate of heritability which have changed for each aminoacid level. Genotype - environment interaction occurred for all traits of both genetic groups, ranging from simple to complex, depending on each ratio. Animal breeding programs should assess the existence of genotype - environment interaction within their selection systems, since these could endanger the performance of the quails.

Key words: Aminoacids, Animal breeding, *Coturnix coturnix*, Genotype interaction - environment,

INTRODUÇÃO

Na produção avícola, curvas de crescimento vem sendo frequentemente utilizada para descrever o crescimento das aves. Sendo aplicado em estudos com codornas de corte, onde o crescimento desses animais pode ser representado graficamente por uma curva que relaciona o peso a idade (Drumond et al., 2013; Mota et al.; 2015a). Segundo Lôbo et al. (2006) essas curvas são importantes pois por meio delas podem-se obter informações sobre o desenvolvimento do animal em todas as fases de sua vida. Esta metodologia tem se mostrado bastante útil, principalmente em programas de melhoramento genético (Drumond et al., 2013).

O conhecimento dos parâmetros da curva permite prever, em uma população, os animais que apresentam maior peso corporal em idades mais precoces, o que favorece os sistemas de seleção e o acompanhamento do progresso genético. Outra vantagem das curvas de crescimento está na possibilidade de aderir práticas de manejo que potencialize a produção de carne, permitindo a visualização das necessidades nutricionais apresentadas pelos animais em cada uma das fases de crescimento (Tholon & Quiroz, 2009).

As curvas de crescimento são específicas para diferentes raças, linhagens e sexo. Segundo Knizetova et al. (1991), o conhecimento desse comportamento é fundamental para os programas de melhoramento genético, quando o objetivo for produzir aves do tipo carne com rápido crescimento inicial.

As necessidades nutricionais das aves têm sido amplamente estudadas uma vez que a limitação nutricional pode causar problemas no desenvolvimento dos animais. Segundo Corzo et al. (2007), a treonina é um dos aminoácidos mais importantes a nível intestinal para fins de manutenção. Em codornas a treonina é considerada como o segundo aminoácido limitante, entretanto ainda são escassas as pesquisas com esse aminoácido (Silva et al., 2012).

Em decorrência da existências de diversas condições nutricionais entre os sistemas de produção de codornas, há necessidade de se verificar se a ocorre interação genótipo – ambiente na expressão das características, visto que esta interação pode provocar alterações nas variâncias genéticas e consequentemente nas estimativas dos parâmetros genéticos (Alencar et al., 2005; Santos et al., 2008; Felipe et al., 2012; Mota et al. 2015b). Desta forma, animais avaliados em determinado ambiente podem não apresentar a mesma produtividade quando submetidos a ambientes diferentes do qual foi selecionado, sendo necessário alterar as estratégias de seleção.

Assim, objetivou-se com o trabalho comparar modelos não lineares para descrever a curva de crescimento de codornas de dois grupos genéticos, dos 22 aos 35 dias de vida e avaliar a sensibilidade dos valores genéticos a mudanças do gradiente ambiental e assim verificar a existência de interação genótipo - ambiente para as características de peso corporal aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento e ponto de inflexão em codornas de corte, machos e fêmeas.

MATERIAL E MÉTODOS

Origem dos dados

Os dados utilizados neste trabalho são provenientes de 1.017 observações de progênes de 80 reprodutores e 160 matrizes de dois grupos genéticos de codornas de corte (LF1 e LF2), pertencentes ao programa de melhoramento genético de codornas do Departamento de Zootecnia da Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina, MG.

As codornas foram identificadas ao nascer e distribuídas aleatoriamente em cinco boxes de 6,0 m² cada, localizados em aviário coberto e aquecidos com lâmpadas de infravermelho (250 W) do nascimento aos 21 dias de idade. Na fase inicial (do nascimento aos 21 dias de idade) as codornas receberam dieta única contendo 24,54% de proteína bruta e 2900 EM/Kg (Tabela 1). Na segunda fase (dos 22 aos 35 dias de idade), as codornas foram alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina (0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91%) na dieta, conforme apresentado na tabela 2.

Foram fornecidas dietas e água “ad libitum” durante o período experimental. A pesagem das codornas foi realizada semanalmente do nascimento aos 35 dias de idade e o sexo das aves foi determinado aos 28 dias.

Tabela 1. Composição da dieta fornecida a codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 do nascimento aos 21 dias de idade

Ingrediente (g/kg)	Composição (%)
Milho Moído	48,96
Farelo de Soja (45% PB)	44,82
Óleo de soja	1,61
Calcário Calcítico	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10
Sal Comum	0,38
Mistura Mineral ⁽¹⁾	0,20
Mistura Vitaminica ⁽²⁾	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01
Antioxidante ³	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05
DL- Metionina (99%)	0,37
L- Treonina	0,25
L- Isoleucina	0,09
L- Arginina	0,20
L-Glutâmico	0,05
Amido	0,50
Total %	100,00
Composição calculada	
Energia Metabolizável (kcal/kg)	2900,00
Proteína Bruta (%)	24,570
Cálcio (%)	0,850
Fósforo Disponível (%)	0,320
Sódio (%)	0,170
Fibra Bruta (%)	3,270
Aminoácidos digestíveis (%)	
Lisina	1,250
Metionina +Cistina	1,020
Triptofano	0,280
Treonina	1,070
Arginina	1,800
Isoleucina	1,070
Valina	1,040

¹ Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

²Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³ Butil-hidróxi-tolueno.

⁴Salinomicina 12%

Tabela 2. Composição e valor nutricional das dietas experimentais, na matéria natural, para codornas de corte das linhagens LF1 e LF2 de 22 aos 35 dias de idade, submetidas a diferentes relações treonina:lisina

Ingredientes	Relações treonina:lisina				
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
Milho Moído	48,91	48,91	48,91	48,91	48,91
Farelo de Soja (45%)	44,82	44,82	44,82	44,82	44,82
Óleo de soja	1,61	1,61	1,61	1,61	1,61
Calcário	1,20	1,20	1,20	1,20	1,20
Fosfato Bicálcico	1,10	1,10	1,10	1,10	1,10
Sal Comum	0,38	0,38	0,38	0,38	0,38
Mistura Mineral ¹	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Mistura Vitaminica ²	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
Cloreto de Colina (60%)	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Antioxidante ³	0,01	0,01	0,01	0,01	0,01
Coccidiostático ⁴	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05
DL- Metionina	0,37	0,37	0,37	0,37	0,37
L- Treonina	0,05	0,12	0,19	0,25	0,31
L- Isoleucina	0,09	0,09	0,09	0,09	0,09
L- Arginina	0,20	0,20	0,20	0,20	0,20
L-Glutâmico	0,35	0,28	0,21	0,15	0,03
Amido	0,45	0,45	0,45	0,45	0,51
Total %	100,00	100,00	100,00	100,00	100,00
Proteína Bruta (%)	24,54	24,54	24,54	24,54	24,54
Cálcio (%)	0,85	0,85	0,85	0,85	0,85
Fósforo disponível (%)	0,32	0,32	0,32	0,32	0,32
Sódio (%)	0,17	0,17	0,17	0,17	0,17
Fibra bruta (%)	3,27	3,27	3,27	3,27	3,27
Aminoácidos digestíveis (%)					
Lisina	1,25	1,25	1,25	1,25	1,25
Metionina +Cistina	1,02	1,02	1,02	1,02	1,02
Triptofano	0,28	0,28	0,28	0,28	0,28
Treonina	0,89	0,95	1,01	1,07	1,13
Arginina	1,80	1,80	1,80	1,80	1,80
Isoleucina	1,07	1,07	1,07	1,07	1,07
Valina	1,04	1,04	1,04	1,04	1,04

¹ Composição/kg de produto: Manganês: 160g, Ferro: 100g, Zinco: 100g, Cobre: 20g, Cobalto: 2g, Iodo: 2g, Excipiente q.s.p.: 1000 g.

²Composição/kg de produto: Vit. A:12.000.000 U.I., Vit D₃:3.600.000 U.I., Vit. E: 3.500 U.I., Vit B₁ :2.500 mg, Vit B₂: 8.000 mg, Vit B₆:5.000 mg, Ácido pantotênico: 12.000 mg, Biotina: 200 mg, Vit. K: 3.000 mg, Ácido fólico: 1.500mg, Ácido nicotínico: 40.000 mg, Vit. B₁₂: 20.000mg, Selênio: 150 mg, Veículo q.s.p.: 1.000g.

³ Butil-hidróxi-tolueno.

⁴Salinomicina 12%

Curvas de Crescimento

A avaliação da curva de crescimento dos animais foi realizada utilizando o comando “proc NLIN” do *Statistical Analysis System*® (SAS Institute, 2002), pelo método dos quadrados mínimos ordinários com o algoritmo de Gauss-Newton, descrito por Hartley (1961). O critério de convergência para as estimativas foi considerado quando $[(SQR_{j-1} - SQR_j)/(SQR_j + 10^{-6})] \leq 10^{-8}$, em que: SQR_j é a soma de quadrado residual na iteração j .

Para avaliar o modelo que melhor se ajustava aos dados foi utilizada a curva média para machos e fêmeas de cada grupo genético. Após a escolha do melhor modelo os dados foram ajustados separadamente para sexo e grupo genético em cada relação treonina:lisina para avaliar o efeito do aminoácido sobre os parâmetros de crescimento. Para obter a curva de crescimento das codornas foram ajustados os modelos Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy (Tabela 3).

Tabela 3. Modelos não lineares utilizados para descrever as curvas de crescimento do nascimento aos 35 dias de idade de dois grupos genéticos (LF1 e LF2) de codornas de corte

Modelo	Equação	Referência
Gompertz	$y_t = Ae^{-Be^{(Kt)}} + \varepsilon$	LAIRD (1965)
Logístico	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^{-m} + \varepsilon$	NELDER (1961)
Richards	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^m + \varepsilon$	RICHARDS (1959)
von Bertalanffy	$y_t = A(1 - Be^{-Kt})^3 + \varepsilon$	VON BERTALANFFY (1957)

y_t peso corporal do animal em relação a t ; A é o peso assintomático ou peso adulto do animal quando $t \rightarrow \infty$; K mede a variação da velocidade de crescimento e está associado a taxa de maturidade, onde valores indicam animal de crescimento lento; b é a constante de integração, onde sua função é modelar a forma da curva de crescimento, porém não possui função biológica; m é a constante do modelo.

Para avaliar o modelo que melhor se ajustou aos dados foram utilizados os seguintes critérios: coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}); quadrado médio do erro (QME); valor do critério de Akaike (AIC); valor do critério de informação bayesiano (BIC); desvio médio absoluto (DMA); desvio padrão assintótico (DPA); e índice assintótico (IA).

O R^2_{aj} foi calculado por $R^2_{aj} = ((n-1)R^2 - p)/(n-p-1)$, em que p refere-se ao número de parâmetros da função, n ao número de observações e R^2 ao coeficiente de determinação. O quadrado médio do erro (QME) foi calculado dividindo-se a soma de quadrados do resíduo

pelo número de graus de liberdade. O critério Akaike (AIC), descrito por Akaike (1974), foi calculado por $AIC = -2\loglike - 2p$, em que p é o número de parâmetros e \loglike é o valor do logaritmo da função de verossimilhança considerando as estimativas dos parâmetros. O critério de informação bayesiano (BIC), proposto por Schwarz (1978), foi calculado por $BIC = -2\ln L + p\ln(n)$, sendo L o valor maximizado da função de verossimilhança do modelo estimado, p ao número de parâmetros, n ao número de observações utilizadas para ajustar a curva e \ln é o logaritmo natural. O índice assintótico (IA), descrito por Ratkowsky (1990), combina os critérios de desvio padrão assintótico (DPA), desvio médio absoluto (DMA) e R^2_{aj} . O DPA foi calculado pela raiz quadrada do quadrado médio do resíduo. O DMA, proposto por Sarmiento et al. (2006) foi calculado por $DMA = \sum_{i=1}^n |y_i - \hat{y}| / n$. Atribuiu-se o valor de 100 para a maior estimativa de cada critério, sendo os demais ponderados em relação a este valor, assim $IA = (DPA + DMA) - R^2_{aj}$.

A partir do modelo que melhor se ajustou as curvas de crescimento, foi feita a derivada para obter a taxa de crescimento absoluto (TCA) e ponto de inflexão (IPT). Assim tem-se $TCA = A * b * k e^{(-be^{(-kt)})} e^{(-kt)}$ e $IPT = \text{Log}(b)/k$ (Malhado et al., 2009). O peso assintótico (PA), representado por “A”, e peso corporal aos 35 dias de idade (P35) foram também avaliados.

Análise Genética

Foram utilizados 3.981 registros de pesos corporais de codornas de corte dos grupos genético LF1 e LF2, coletados semanalmente do nascimento aos 35 dias de idade. Animais sem identificação de sexo e com menos de quatro medidas corporais foram retirados do banco de dados que era composto de identificação do animal, pai, mãe, sexo, peso corporal ao nascimento, 7, 14, 21, 28 e 35 dias de idade e a relação treonina:lisina da dieta. Para realização da consistência dos dados foram excluídas informações abaixo ou acima de três desvios-padrão em relação à média da característica.

Foi utilizado o modelo animal uni-característico, contendo o sexo como efeito fixo e o efeito genético do animal como efeito aleatório para o P35 e os parâmetros PA, TCA e IPT. As análises de regressão aleatória foram modeladas por polinômios ortogonais de Legendre de segunda ordem.

O modelo utilizado nas análises foi definido como $y_{hij} = \sum_{k=0}^l b_{jk} \Phi_k(p_i) + \sum_{k=0}^l a_{hk} \Phi_k(p_i) + e_{hij}$, em que: y_{hij} é a observação do animal h , do sexo j , alimentado com a dieta i ; b_{jk} é o coeficiente de regressão fixo k , associado ao polinômio de Legendre, atribuído ao sexo j ; a_{hk} é o coeficiente de regressão aleatória k referente ao efeito genético aditivo direto atribuído ao animal h ; $\Phi_k(p_i)$ é o polinômio de Legendre k normalizado atribuído à relação treonina:lisina na coleta da observação i ; e e_{hij} é o resíduo associado à observação y_{hij} .

Em notação matricial, o modelo é descrito como $y = Xb + Za + e$, em que y é o vetor de observações; b é o vetor de coeficientes de regressão da trajetória fixa e de cada sexo; a é o vetor de coeficientes de regressão aleatória atribuídos aos efeitos genéticos aditivos diretos; X e Z são matrizes de incidência de efeitos em b e a , contendo polinômios de Legendre relativos ao valor da variável controle adotada (relação treonina:lisina); e e é o vetor de resíduos. Adicionalmente assume-se que: $E(y) = X\beta$; $G = \begin{bmatrix} \sigma_a^2 & \sigma_{ab} \\ \sigma_{ab} & \sigma_b^2 \end{bmatrix}$;

$V(y) = Z(A \otimes G)Z' + I_n \sigma_e^2$; e $V \left(\begin{bmatrix} a \\ e \end{bmatrix} \right) = \begin{bmatrix} A \otimes G & \Phi \\ \Phi & I_n \sigma_e^2 \end{bmatrix}$, em que σ_a^2 e σ_b^2 são componentes de variância atribuídos aos coeficientes do polinômio de Legendre referente ao intercepto e a inclinação do efeito genético aditivo direto, σ_{ab} é o componente de covariância entre o intercepto e a inclinação da norma de reação, σ_e^2 é o componente de variância residual, para considerar a heterogeneidade de variância, foram assumidas até 4 classes, A é a matriz de numeradores do coeficiente de parentesco de Wright e n é o número de observações.

Para obtenção da covariância genética aditiva entre a relação treonina:lisina i e h utilizou-se a fórmula $\sigma_{a_{ih}} = Z_i G Z_h'$, em que $Z_i = [\Phi_0(i) \quad \Phi_1(i)]$ e $Z_h = [\Phi_0(h) \quad \Phi_1(h)]$.

A estimativa da herdabilidade foi calculada em função do nível de treonina:lisina fornecida na dieta por meio da equação $h_i^2 = \frac{Z_i G Z_i'}{Z_i G Z_i' + \sigma_e^2}$, onde i representa a relação treonina:lisina; e σ_e^2 representa a variância residual homogeneidade de variância e obtido por $\sigma_e^2 | x = \sigma_e^2 \hat{n}^x$ no modelo que considera heterogeneidade de variância no qual n é variância do parâmetro de heterogeneidade de variância residual no gradiente ambiental (x).

Os componentes de covariância atribuídos a cada efeito aleatório foram estimados por meio do programa Wombat (Meyer, 2007) utilizando o algoritmo “Average Information” da Máxima Verossimilhança Restrita (AIREML). O critério de convergência adotado foi de 10^{-9} . As funções de covariância foram utilizadas para estimar a estrutura de covariância genética aditiva e a herdabilidade direta em função da relação treonina:lisina da dieta.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os coeficientes de variação para peso ao nascer foram os que apresentaram os valores mais baixos comparados aos pesos nas demais idades (Tabela 4). Estes resultados sugerem menor variabilidade fenotípica, o que pode ser explicado em razão das codornas terem sido expostas sobre as mesmas condições ambientais.

Tabela 4. Estatística descritiva dos dados de peso coletados durante o período experimental com codornas de corte alimentadas com diferentes relações de treonina:lisina na dieta

Grupo Genético	Idade	Relação treonina:lisina					SEM	SD	CV(%)
		Média							
		0,71	0,76	0,81	0,86	0,91			
LF1	0	9,87	9,95	10,03	9,81	9,95	0,04	0,99	9,99
	7	29,65	31,89	36,26	34,33	36,97	0,26	5,86	17,43
	14	74,09	75,06	81,56	78,59	77,54	0,50	11,34	14,68
	21	129,09	133,44	143,55	140,22	138,96	0,77	17,50	12,80
	28	206,65	209,61	210,49	211,49	213,39	0,94	21,36	10,16
	35	259,55	260,12	259,76	250,68	263,96	1,16	26,19	10,13
LF2	0	9,5	9,51	9,46	9,51	9,55	0,04	0,97	10,21
	7	28,38	30,44	34,25	34,29	35,03	0,20	5,60	17,17
	14	73,43	72,93	76,48	78,47	73,72	0,41	11,23	14,97
	21	128,81	126,22	136,84	136,59	132,14	0,58	16,07	12,14
	28	207,07	197,98	203,66	205,91	202,35	0,82	22,76	11,19
	35	247,87	249,11	250,69	250,25	249,54	1,01	27,92	11,37

LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2; SEM = erro quadrático da média; SD = desvio padrão; CV = coeficiente de variação.

Critério de escolha do modelo de curva de crescimento

Os modelos avaliados para descrever as curvas de crescimento das codornas de corte, Gompertz, Logístico, Richards e von Bertalanffy apresentaram convergência tanto para os grupos genéticos como para os sexos estudados (Tabela 5).

Tabela 5. Critérios de qualidade de ajustes para os modelos não lineares utilizados para descrever o crescimento de codornas de corte do grupo genético LF1 e LF2 dos 22 aos 35 dias de idade

Modelo	Grupo Genético	Sexo	Critério de Qualidade de Ajuste						
			$R^2_{aj}(\%)$	QME	AIC	BIC	DMA	DPA	IA
Gompertz	LF1	Macho	97,11	229,2	13756,7	13762,2	10,11	15,13	41,03
		Fêmea	96,80	289,1	12101,3	12106,5	10,93	17,00	42,84
	LF2	Macho	96,36	269,9	13369,9	13375,3	10,62	16,42	47,15
		Fêmea	96,38	305,1	12074,6	12079,9	11,37	17,46	36,64
Logístico	LF1	Macho	97,08	231,3	13771,8	13777,3	10,09	15,20	41,44
		Fêmea	96,78	291,1	12110,6	12115,8	10,87	17,06	42,98
	LF2	Macho	96,33	272,5	13384,5	13389,9	10,66	16,50	47,83
		Fêmea	96,35	307,7	12086,6	12091,8	11,41	17,54	43,31
Richards	LF1	Macho	97,08	231,5	14555,3	14560,7	25,18	15,21	101,43
		Fêmea	96,78	291,3	13693,9	12699,2	26,53	17,06	102,00
	LF2	Macho	96,33	272,7	13965,3	13970,6	23,35	16,51	102,24
		Fêmea	96,35	307,7	12833,6	12838,8	32,65	17,54	102,30
von Bertalanffy	LF1	Macho	96,99	238,7	13822,2	13827,6	10,48	15,44	44,63
		Fêmea	96,70	298,4	12145	12150,2	11,3	17,27	45,89
	LF2	Macho	96,22	280,6	13429,9	13435,2	11,14	16,75	51,49
		Fêmea	96,25	316,5	12124,6	12129,8	11,91	17,78	40,23

R^2_{aj} = coeficiente de determinação ajustado; QME = quadrado médio do erro; AIC = critério de informação de Akaike; BIC = critério de informação bayesiano; DMA = desvio médio absoluto; DPA = desvio padrão assintótico; IA = índice assintótico; LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2.

Avaliando os critérios utilizados para qualidade do ajuste, os modelos apresentaram valores próximos à unidade o que indica bom ajuste para estes modelos para descrever o crescimento de cada grupo genético em função da idade. Com base no coeficiente de determinação ajustado (R^2_{aj}) os modelos avaliados apresentaram valores similares. Desta forma, não deve ser considerado como parâmetro para escolha do modelo, uma vez que apresenta valores elevados para todos os grupos genéticos. Valores elevados para R^2_{aj} foram relatado por Braccini Neto (1996), Mota et al. (2015a) em pesquisas com aves. O quadrado médio do erro (QME) apresentou pouca variação e sugere bom ajuste dos modelos às curvas de crescimento das codornas avaliadas.

Considerando os critérios de ajuste AIC, BIC, DPA e DMA, observa-se que o modelo Gompertz foi o que apresentou valores adequados quando comparados os grupos genéticos e sexo dos animais indicando ser o mais adequado para avaliar o crescimento de aves.

Os menores valores para o critério de ajuste IA foram observados para o modelo Gompertz quando comparado os grupos genéticos (LF1 e LF2) e o sexo (machos e fêmeas). Estes resultados indicam que este modelo é o que melhor se ajusta aos dados estudados.

O mesmo modelo foi descrito por Drumond et al. (2013) como sendo o melhor para descrever as curvas de crescimento de codornas de corte macho. Segundo Araújo (2009), o critério de IA é recomendado para escolha de modelos de curva de crescimento, sendo considerado como o mais completo. Assim, adotou-se o modelo Gompertz para descrever as curvas de crescimento deste estudo por apresentar melhor ajuste aos dados das codornas machos e fêmeas dos grupos genéticos LF1 e LF2.

Curvas de crescimento

Foram observadas maiores estimativas do PA em fêmeas em comparação aos machos, em ambos os grupos genéticos (Tabela 6). Segundo Rajini & Narahari (1998), o desenvolvimento do aparelho reprodutivo e a maior deposição de gordura das fêmeas favorecem esse comportamento. Estes resultados corroboram os descritos por Móri et al. (2005) e Drumond et al. (2013), em que codornas fêmeas apresentaram maior peso corporal que os machos.

A taxa de maturidade ou velocidade de crescimento, representada pelo parâmetro “k”, apresentou estimativas bem próximas por relações treonina:lisina avaliadas. Segundo

Malhado et al. (2009), animais que apresentam valores elevados de k demonstram precocidade elevada comparados a animais com menor valor de “ k ”. Drumond et al. (2013) ressaltam que a velocidade de crescimento é fator importante dentro dos programa de melhoramento genético visto que, quanto mais rápido o crescimento menor o intervalo de gerações e maior o ganho genético por geração.

Tabela 6. Estimativa dos parâmetros das curvas de crescimento pelo modelo Gompertz para codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2 alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina

Grupo Genético	Sexo	Relação (metionina+cistina):lisina					SD	CV	Min	Max	
		0,71	0,76	0,81	0,86	0,91					
LF1	Macho	A	385,99	362,27	371,13	327,14	373,38	68,65	18,77	206,39	450,62
		b	4,29	4,26	3,97	4,15	4,28	1,07	25,65	3,40	10,36
		k	0,06	0,06	0,06	0,07	0,06	0,01	23,93	0,02	0,14
		IPT	21,59	21,03	18,94	18,50	20,91	2,77	13,63	12,72	26,56
		TCA	6,80	6,28	6,21	5,15	6,38	1,65	26,69	1,09	9,17
	Fêmea	A	367,94	371,76	396,07	339,95	389,26	76,13	20,39	199,85	480,36
		b	4,37	4,23	3,92	4,42	3,96	0,88	21,09	3,06	15,73
		k	0,06	0,05	0,06	0,07	0,06	0,01	23,14	0,02	0,13
		IPT	21,17	20,96	20,45	17,98	20,52	2,71	13,51	12,85	28,52
		TCA	6,51	6,47	6,83	5,43	6,63	1,75	27,42	1,35	9,61
LF2	Macho	A	349,20	373,90	364,61	316,53	374,21	66,20	18,63	191,86	493,69
		b	2,34	2,05	1,97	2,05	1,97	0,40	19,55	1,54	6,40
		k	0,08	0,06	0,07	0,08	0,06	0,02	25,36	0,03	0,19
		IPT	11,55	12,02	11,18	9,20	10,82	0,93	20,39	2,71	9,76
		TCA	7,19	7,22	7,13	6,19	7,24	1,27	18,18	3,04	9,48
	Fêmea	A	354,17	365,89	383,58	305,63	385,66	68,53	19,03	202,91	493,29
		b	4,40	4,12	3,98	4,23	4,12	0,54	12,85	3,42	8,44
		k	0,06	0,06	0,07	0,09	0,07	0,02	25,03	0,04	0,15
		IPT	23,83	24,49	21,55	17,73	22,82	1,94	20,42	5,23	15,92
		TCA	8,15	7,93	9,08	8,42	8,96	1,94	22,78	3,29	14,59

A = peso assintótico ou peso médio a maturidade; b = constante de integração sem interpretação biológica; k = taxa de maturidade ou velocidade de crescimento do animal; IPT = ponto de inflexão; TCA = taxa de crescimento assintótico.

As estimativas da TCA foram influenciadas pelas relações treonina:lisina das dietas das codornas de corte (Figura 1). Nos machos do grupo genético LF1 os maiores valores de TCA foram observados entre 18 e 21 dias, mesmo período que ocorre o IPT,

demonstrando que a partir desta idade as aves passaram a ter redução da TCA. Os machos do grupo genético LF2 apresentaram crescimento similar em quase todos os níveis da relação treonina:lisina da dieta, entretanto, o IPT ocorreu entre 9 e 12 dias de idade.

Para as fêmeas (LF1 e LF2) as relações treonina:lisina promoveram alterações consideráveis no crescimento das codornas. No grupo genético LF1 o IPT ocorreu entre 20 e 21 dias. Nas fêmeas do grupo LF2 o IPT variou de 17 à 24 dias de idade em que a relação treonina:lisina 0,86 apresentou o menor valor para IPT. Narinc et al. (2010) e Narinc et al. (2014), em estudos com codornas Japonesas, relataram IPT variando dos 14 dias aos 17 dias de vida das codornas. Esta desigualdade dos resultados está relacionada às diferentes linhagens estudadas e ao ambiente na qual as codornas estavam expostas.

Estes resultados sugerem que as relações treonina:lisina fornecidas na dieta das codornas, podem influenciar a TCA e a precocidade das codornas, em função do sexo e do grupo genético avaliado. Assim, a formulação de dieta para essas aves deve ser realizada de forma independente para os grupos genéticos e os sexos, podendo estas, influenciarem o desempenho produtivo das codornas.

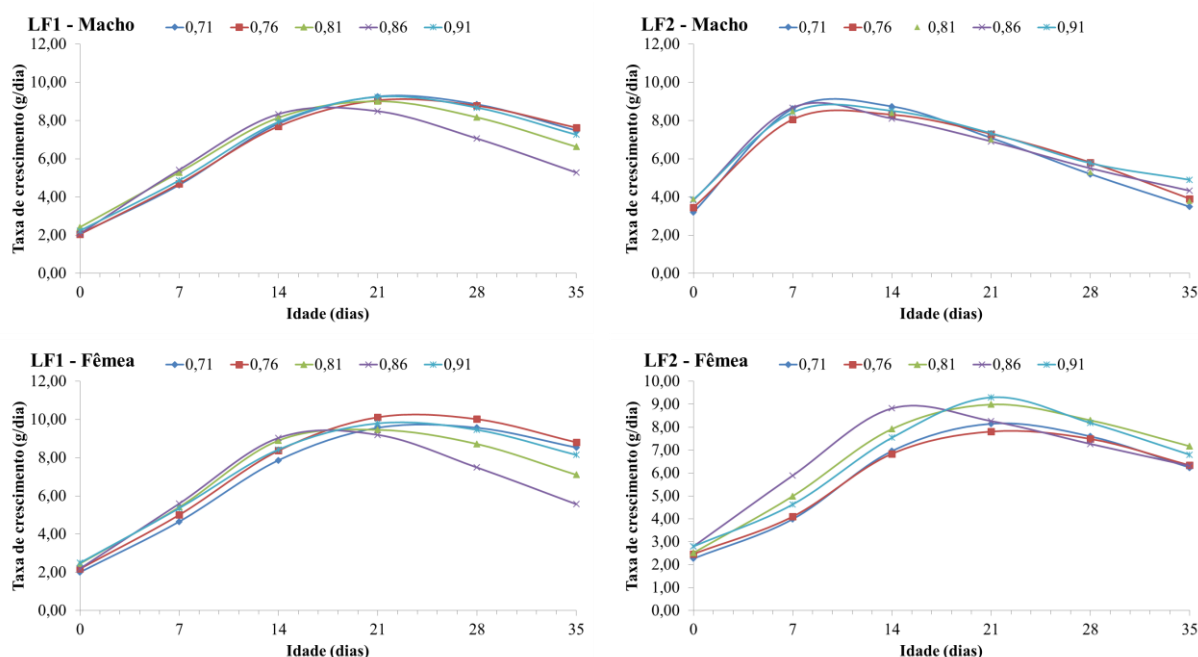


Figura 1. Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimada com base no modelo Gompertz, para codornas de corte alimentadas com diferentes relações treonina:lisina (0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91).

Os machos de ambos os grupos genéticos (LF1 e LF2) apresentam pouca variação de peso corporal para as relações treonina:lisina estudadas indicando que os níveis proporcionaram desempenhos equivalentes dessas codornas (Figura 2). Entretanto, o peso corporal observado para os machos aos 35 dias de idade na relação 0,86 apresentou menor valor em comparação com as outras relações avaliadas. Essa desigualdade foi mais expressiva no grupo genético LF1 em que a diferença observada entre a relação que apresentou maior peso corporal e a que apresentou menor peso corporal foi de 20g.

As fêmeas do grupo genético LF1 apresentaram maior média de peso corporal aos 35 dias de idade na relação treonina:lisina de 0,91 (278g), enquanto na relação 0,86 elas obtiveram menor média (254g). Observa-se que as codornas alimentadas com relação 0,71 apresentaram menor peso durante grande parte do período experimental. No entanto, apresentaram peso corporal aos 35 dias de idade maior aos níveis 0,76 e 0,81. No grupo genético LF2 observou-se que as codornas alimentadas com relação 0,86 obtiveram maior peso corporal aos 35 dias de idade (276g) enquanto as codornas alimentadas na relação 0,76 apresentaram menor peso corporal (263g). Contudo, não foram observadas grandes diferenças no peso corporal das codornas do grupo genético LF2.

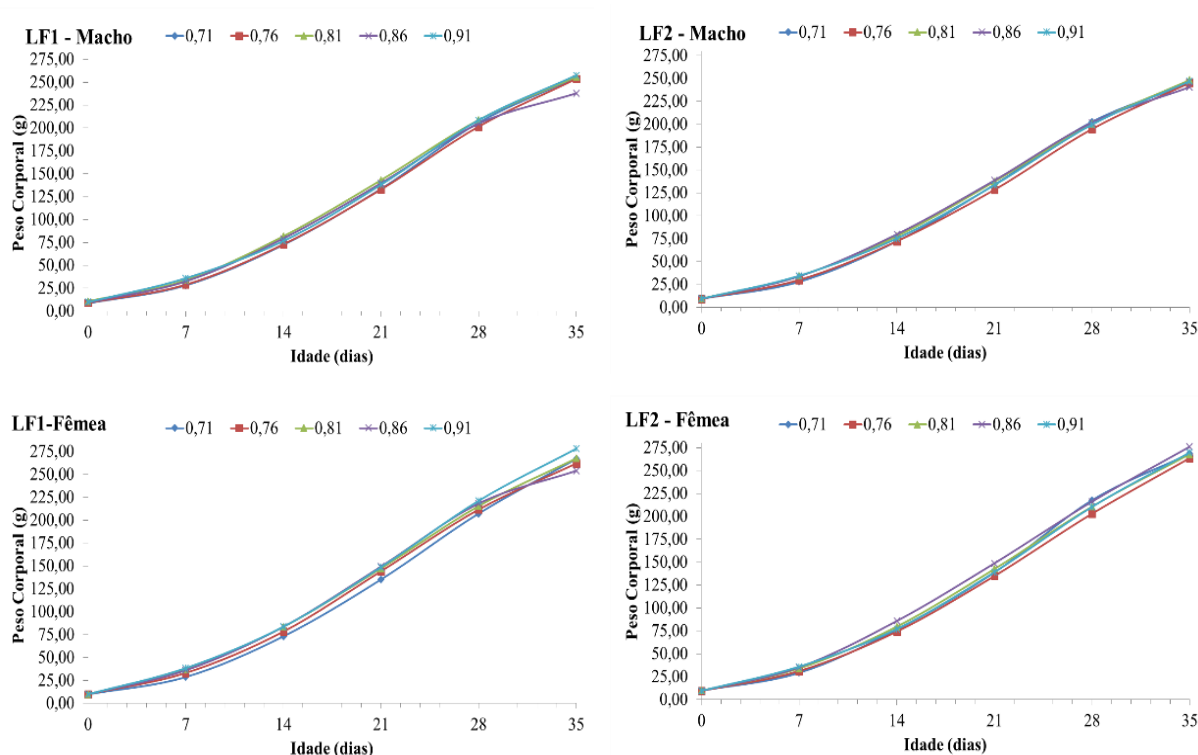


Figura 2. Curva de crescimento para codornas de corte alimentadas com diferentes relações treonina:lisina (0,71, 0,76, 0,81, 0,86 e 0,91), segundo o modelo Gompertz.

Escolha do modelo de norma de reação

Para avaliar a interação genótipo - ambiente adotou-se o modelo de regressão aleatória que apresentou o menor valor de BIC indicando assim melhor ajuste dos dados (Tabela 7).

Observa-se que no grupo genético LF1 e LF2 as características P35 e PA apresentaram melhor ajuste para os modelos que consideraram quatro classes de variância residual. Para a característica IPT do grupo LF2, o modelo que considerou três classes de variância residual foi o de melhor ajuste.

Para as demais características, TCA do grupo LF1 e LF2 e IPT do grupo LF1 os modelos que consideraram duas classes de variância residual apresentaram melhor ajuste. Desta forma, verifica-se que para as características avaliadas os modelos que melhor se ajustaram aos dados foram aqueles que consideraram heterogeneidade de variância residual. Bonafé (2008) e Felipe et al. (2012), em estudos de crescimento com codornas, observaram que modelos que consideram heterogeneidade de variância apresentam melhor ajuste aos dados.

Tabela 7. Comparação de modelos com heterogeneidade e homogeneidade de variância residual pelo critério de informação Bayesiano (BIC)

Característica	Variância residual	Ordem do polinômio	Nº Observações	NP	LogL	BIC
LF1						
P35	1 Classe	2	509	4	-1812,70	3636,22
	2 classes	2	509	5	-1811,98	3637,48
	3 classes	2	509	6	-1810,66	3637,56
	4 Classes	2	509	7	-1803,71	3626,36
PA	1 Classe	2	509	4	-2416,89	4844,60
	2 classes	2	509	5	-2413,63	4840,80
	3 classes	2	509	6	-2409,48	4835,20
	4 Classes	2	509	7	-2407,62	4834,18
TCA	1 Classe	2	490	4	-585,07	1180,90
	2 classes	2	490	5	-578,81	1171,06
	3 classes	2	490	6	-578,02	1172,18
	4 Classes	2	490	7	-577,78	1174,39
IPT	1 Classe	2	501	4	-676,18	1363,16
	2 classes	2	501	5	-668,48	1350,46
	3 classes	2	501	6	-667,68	1351,56
	4 Classes	2	501	7	-666,89	1352,68
LF2						
P35	1 Classe	2	482	4	-1758,37	3527,47
	2 classes	2	482	5	-1757,54	3528,50
	3 classes	2	482	6	-1756,68	3529,46
	4 Classes	2	482	7	-1754,05	3526,88
PA	1 Classe	2	508	4	-2105,85	4222,52
	2 classes	2	508	5	-2105,59	4224,71
	3 classes	2	508	6	-2098,10	4212,44
	4 Classes	2	508	7	-2091,65	4202,25
TCA	1 Classe	2	496	4	-542,76	1096,30
	2 classes	2	496	5	-533,40	1080,28
	3 classes	2	496	6	-532,22	1080,61
	4 Classes	2	496	7	-532,17	1083,21
IPT	1 Classe	2	486	4	-631,05	1272,84
	2 classes	2	486	5	-629,48	1272,40
	3 classes	2	486	6	-621,75	1259,61
	4 Classes	2	486	7	-620,87	1260,54

P35 = peso corporal aos 35 dias de idade; PA = peso assintótico; TCA = taxa de crescimento assintótico; IPT = ponto de inflexão; LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2; NP = número de parâmetros; LogL = logaritmo da função de verossimilhança; BIC = critério de informação bayesiano.

Estimativas de variâncias e herdabilidades

As estimativas de variâncias genéticas, fenotípicas e residuais para as características P35, PA, TCA e IPT estão apresentadas na Tabela 8.

Tabela 8. Variâncias genéticas (σ_A^2), fenotípicas (σ_F^2) e residuais (σ_R^2) para as características de P35, PA, TCA e IPT para codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2

Grupo Genético	Características	Variâncias	Relação treonina:lisina				
			0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
LF1	P35	σ_A^2	94,39	137,79	190,26	251,78	322,37
		σ_F^2	396,27	439,68	496,09	973,95	447,29
		σ_R^2	301,89	301,89	305,84	722,17	124,92
	PA	σ_A^2	1822,54	1701,95	1889,15	2384,16	31,86,97
		σ_F^2	5407,36	5286,77	2971,56	7201,00	5151,51
		σ_R^2	3584,82	3584,82	1082,41	4816,84	1964,54
	TCA	σ_A^2	1,23	1,73	2,30	2,96	3,70
		σ_F^2	5,05	5,53	3,78	4,43	5,17
		σ_R^2	3,81	3,81	1,48	1,48	1,48
	IPT	σ_A^2	7,30	3,62	2,24	3,16	6,37
		σ_F^2	12,91	9,23	5,59	6,51	9,73
		σ_R^2	5,60	5,60	3,35	3,35	3,35
LF2	P35	σ_A^2	192,32	180,17	180,25	252,56	197,11
		σ_F^2	571,05	548,89	528,97	511,29	495,84
		σ_R^2	378,73	378,73	348,73	258,73	298,73
	PA	σ_A^2	2863,23	3297,78	1232,70	3068,01	2003,71
		σ_F^2	5442,69	5877,24	2141,56	8471,89	4847,20
		σ_R^2	2579,46	2579,46	908,86	5403,88	2843,49
	TCA	σ_A^2	4,80	4,01	2,30	2,39	2,91
		σ_F^2	8,42	7,63	4,57	4,65	5,18
		σ_R^2	3,62	3,62	2,27	2,27	2,27
	IPT	σ_A^2	4,20	4,20	7,50	4,49	3,32
		σ_F^2	8,06	8,74	15,02	8,26	7,09
		σ_R^2	3,77	4,54	7,52	3,77	3,77

LF1 = linhagem 1; LF2 = linhagem 2; P35 = peso corporal aos 35 dias de idade; PA = peso assintótico; TCA = taxa de crescimento absoluto; IPT = ponto de inflexão.

As diferentes relações treonina:lisina da dieta influenciaram de forma diferente as estimativas de herdabilidade para as características avaliadas (Figura 3). Observa-se que no grupo genético LF1 as características apresentaram maiores estimativas de herdabilidade na relação treonina:lisina de 0,91, com exceção do PA, que apresentou melhor resultado na relação 0,81 ($h^2=0,64$), valor este bastante próximo da relação 0,91 ($h^2=0,62$), indicando baixo efeito de ambiente nessas relações em comparação com as outras relações avaliadas.

O grupo genético LF2 apresentou maiores estimativas de herdabilidade para a relação treonina:lisina de 0,86 para as características P35, PA e IPT, entretanto para a característica TCA, as relações 0,91 e 0,71 apresentaram maior herdabilidade. Contudo, nota-se que os valores estimados para TCA foram bastante similares nas relações treonina:lisina estudadas, variando de 0,50 a 0,57, o que demonstram uma flutuação leve entre os resultados. Narinc et al. (2014) observaram herdabilidade para PA de 0,38 e da TCA de 0,40 em codornas de postura, valores próximos dos observados no presente estudo. As estimativas de herdabilidade da TCA foram similares às encontradas por Narinc et al. (2010).

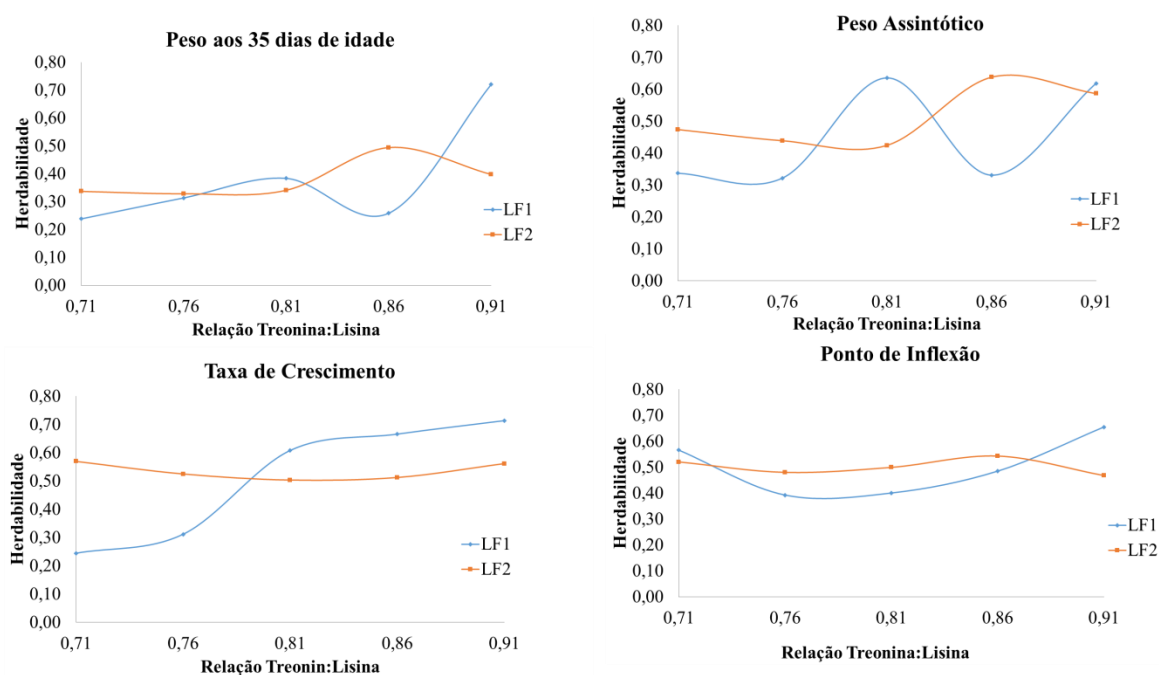


Figura 3. Herdabilidade das características de crescimento de codornas de corte dos grupos genéticos LF1 e LF2 segundo as relações treonina:lisina.

O P35 do grupo genético LF1 apresentou maior variabilidade das estimativas de herdabilidade nas relações estudadas. A menor discrepância obtida foi entre os níveis 0,81 e 0,91, chegando a uma diferença elevada, 0,38 e 0,72, respectivamente. As herdabilidades do P35 apresentaram valores próximos aos valores estimados em outros estudos, onde as estimativas variaram de 0,21 a 0,55 (Dionello et al., 2008; Narinc et al., 2010; Bonafé et al., 2011; Barbieri et al., 2015; Mota et al., 2015b).

As maiores estimativas da herdabilidade nos maiores gradientes ambientais ocorrerem em razão da contribuição dos efeitos genéticos ser maior do que a dos efeitos

ambientais, resultando em maior resposta à seleção nas maiores relações treonina:lisina, ou seja, nos maiores gradientes ambientais. Entretanto, para algumas características menores relações de treonina:lisina apresentaram estimativas bem semelhantes. Os valores estimados a herdabilidade foram semelhantes, o que possibilita a utilização de níveis mais baixos de treonina:lisina, o que reduziria o custo de produção, uma vez que os aminoácidos são considerados como a parte mais onerosa das dietas.

Correlações genéticas e norma de reação

As estimativas de correlações genéticas foram discrepantes e variaram de positivas a negativas para IPT no grupo LF1 e TCA no LF2 (Tabela 8). Silva (2014), em estudo com codornas de corte, relatou correlações negativas quando avaliados diferentes níveis de proteína na dieta das aves.

Observa-se que para os pesos aos 35 dias de idade do grupo genético LF1 e LF2 e TCA do grupo LF1, as estimativas de correlações foram maiores que 0,90. Mota et al. (2015b) ao avaliarem a influência de diferentes relações (metionina+cistina):lisina observaram que correlações acima de 0,80 não proporcionaram interação genótipo - ambiente em codornas de corte para peso aos 35 dias de idade. Segundo Robertson (1959), valores maiores que 0,80 sugerem a ausência de interação genótipo - ambiente, uma vez que a maioria dos genes envolvidos na expressão da característica atuaria de forma semelhante, independente do ambiente no qual este for exposto. Entretanto, Falconer (1989) ressalta que valores menores que 1,0 para correlações genéticas entre duas características já indicam a existência de interação genótipo – ambiente.

As correlações genéticas menores que 0,80 nos grupos genéticos LF1 e LF2, entre algumas das relações treonina:lisina indicam que as codornas serão ordenadas pelo valor genético de forma diferente em cada ambiente (Figura 4).

Tabela 8. Correlações genéticas entre as diferentes relações de treonina:lisina para as características de peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão dos grupos genéticos LF1(diagonal inferior) e LF2 (diagonal superior).

Peso Corporal - 35 dias					
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,99 ^(±0,03)	0,98 ^(±0,16)	0,95 ^(±0,37)	0,97 ^(±0,92)
0,76	0,99 ^(±0,75)	-	0,98 ^(±0,04)	0,97 ^(±0,22)	0,95 ^(±0,50)
0,81	0,97 ^(±0,59)	0,99 ^(±1,08)	-	0,99 ^(±0,06)	0,96 ^(±0,31)
0,86	0,94 ^(±0,29)	0,97 ^(±3,55)	0,99 ^(±0,71)	-	0,98 ^(±0,09)
0,91	0,91 ^(±0,23)	0,94 ^(±6,65)	0,98 ^(±2,36)	0,99 ^(±0,48)	-
Peso Assintótico					
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,99 ^(±0,04)	0,98 ^(±0,05)	0,91 ^(±0,07)	0,56 ^(±0,08)
0,76	0,91 ^(±0,03)	-	0,99 ^(±0,04)	0,94 ^(±0,02)	0,57 ^(±0,03)
0,81	0,84 ^(±0,11)	0,95 ^(±0,07)	-	0,99 ^(±0,56)	0,61 ^(±0,07)
0,86	0,67 ^(±0,32)	0,86 ^(±0,23)	0,97 ^(±0,05)	-	0,67 ^(±0,05)
0,91	0,52 ^(±0,47)	0,75 ^(±0,18)	0,91 ^(±0,16)	0,99 ^(±0,03)	-
Taxa de Crescimento - TCA					
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,99 ^(±0,01)	0,85 ^(±0,09)	-0,91 ^(±0,67)	-0,97 ^(±0,17)
0,76	0,99 ^(±0,02)	-	0,89 ^(±0,65)	-0,88 ^(±0,89)	-0,95 ^(±0,30)
0,81	0,99 ^(±0,67)	0,99 ^(±0,19)	-	-0,57 ^(±0,06)	-0,71 ^(±1,84)
0,86	0,98 ^(±0,46)	0,99 ^(±0,71)	0,99 ^(±0,86)	-	0,98 ^(±0,15)
0,91	0,97 ^(±0,17)	0,99 ^(±0,34)	0,96 ^(±0,99)	0,99 ^(±0,06)	-
Ponto de Inflexão - IPT					
	0,71	0,76	0,81	0,86	0,91
0,71	-	0,97 ^(±0,03)	0,86 ^(±0,09)	0,58 ^(±0,073)	0,19 ^(±0,06)
0,76	0,95 ^(±0,02)	-	0,95 ^(±0,02)	0,73 ^(±0,06)	0,39 ^(±0,04)
0,81	0,61 ^(±0,07)	0,82 ^(±0,027)	-	0,91 ^(±0,06)	0,66 ^(±0,09)
0,86	0,01 ^(±0,12)	0,32 ^(±0,16)	0,78 ^(±0,09)	-	0,91 ^(±0,09)
0,91	-0,34 ^(±0,07)	-0,03 ^(±0,22)	0,53 ^(±0,20)	0,93 ^(±0,03)	-

0,66, 0,71, 0,76, 0,81 e 0,86 = relações de treonina:lisina fornecidas nas dietas.

Para as demais características, IPT e PA dos grupos genéticos LF1 e LF2 e TCA do grupo LF2 as estimativas apresentaram correlações menores que 0,80 sugerindo a existência de interação genótipo - ambiente. Resultados semelhantes foram relatados em estudos com bovinos (Calus et al., 2002; Calus & Veerkamp, 2003; Kolmodin et al., 2003; Cardoso & Tempelman, 2012) e com codornas (Felipe et al., 2012; Mota et al., 2015b), onde os autores observaram interação genótipo - ambiente quando as correlações foram menores que 0,80.

Observa-se que houve interação genótipo – ambiente com reordenamento das codornas para PA, IPT em ambos os grupos avaliados e TCA para o grupo LF2 (Figura 4).

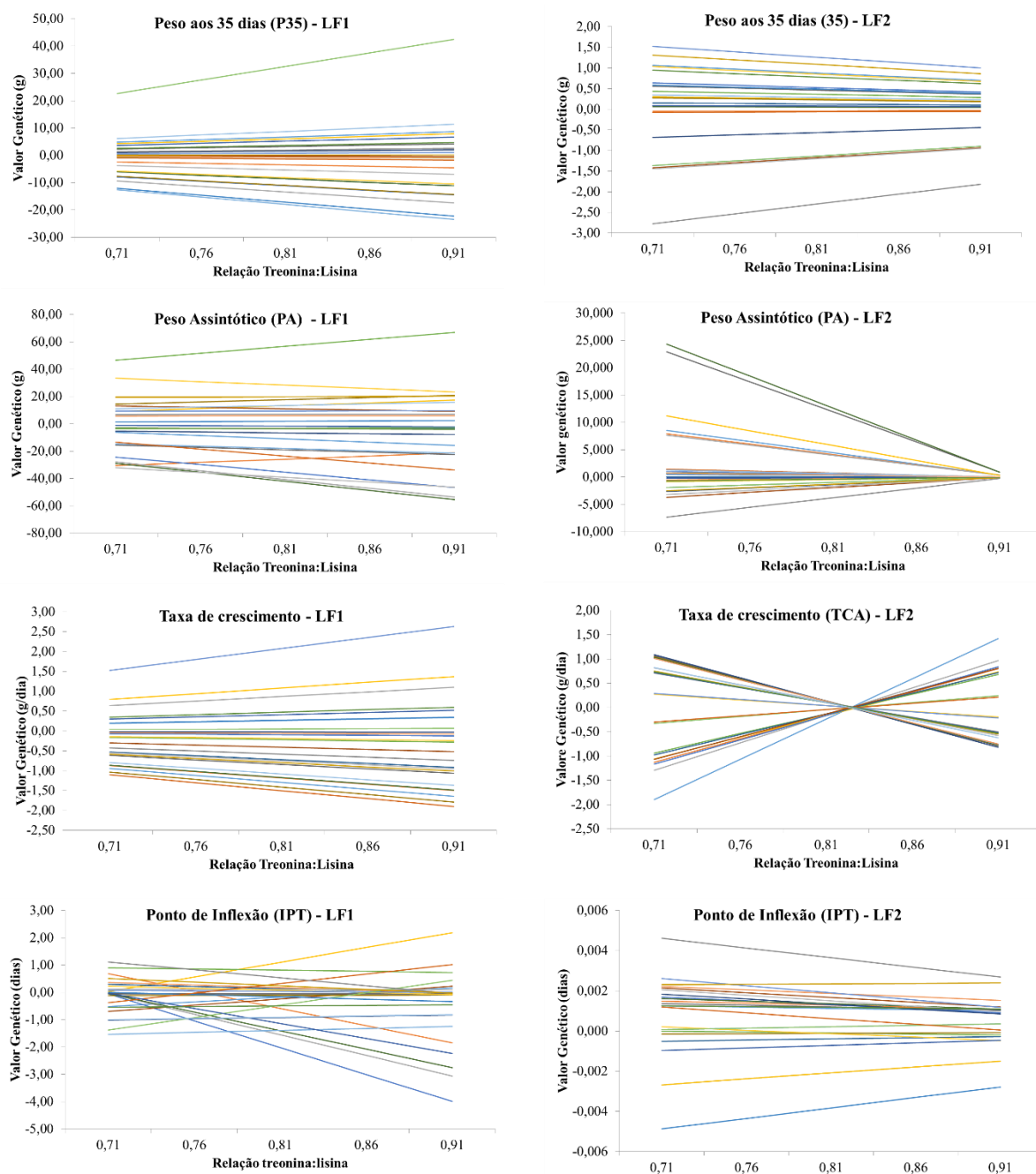


Figura 4. Normas de reação dos valores genéticos aditivos de 25 codornas amostradas aleatoriamente, alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina dos 22 aos 35 dias de idade.

Os dois grupos genéticos apresentaram mudanças na ordem dos efeitos genéticos preditos em diferentes relações de treonina:lisina. Estes resultados estão condizentes com os valores obtidos para as correlações genéticas. Para P35 em ambos os grupos genéticos avaliados observa-se apenas a dispersão dos valores genéticos à medida que se aumenta o

nível da relação treonina:lisina da dieta, sem que ocorra reordenamento do valor genético. Para as características PA no grupo genético LF1 ocorreu maior reordenamento do valor genético de acordo com o gradiente ambiental, para o grupo LF2 o reordenamento do valor genético ocorreu para a relação 0,91 (Figura 4).

A TCA do grupo LF2 apresentou reordenamento do valor genético das codornas na relação 0,81 em que animais com maior valor genético para essa característica passaram a apresentar menores valores genéticos. Felipe et al. (2012) reportaram maiores dispersões dos valores genéticos em níveis proteicos mais elevados.

As interações de genótipos e gradiente ambiental podem ser classificadas como simples (quando ocorreu dispersão dos valores genéticos) e complexas (quando ocorreu o reordenamento das aves), conforme descrito por Cruz et al. (2012). Portanto, o uso de diferentes relações treonina:lisina na dieta das codornas pode promover maior ou menor capacidade de expressão do gene, podendo ocasionar a interação genótipo – ambiente, seja ela pelo aumento da dispersão dos valores genéticos ou pelo reordenamento das codornas. Desta forma, a interação genótipo – ambiente deve ser considerada nos programas de melhoramento animal.

CONCLUSÃO

O modelo Gompertz é o que melhor se ajusta para descreve as curvas de crescimento em codornas de corte.

As estimativas de herdabilidade foram de moderada a alta, o que sugere que as características estudadas podem ser selecionadas nas diferentes relações treonina:lisina, possibilitando o progresso genético das codornas.

Existe interação genótipo - ambiente para peso aos 35 dias de idade, peso assintótico, taxa de crescimento absoluto e ponto de inflexão em codornas de corte, em decorrência quer do aumento da dispersão dos valores genéticos ou, do reordenamento dos valores genéticos das codornas alimentadas com dietas contendo diferentes relações treonina:lisina.

REFERÊNCIAS

AKAIKE, H. A new look at the statistical model identification. **IEEE Transactions on Automatic Control**, v.19, n.6, p.716-723, 1974.

ALENCAR, M. M.; MASCIOLLI, A. S.; FREITAS, A. R. Evidências de interação genótipo x ambiente sobre características de crescimento em bovinos de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.2, p.489-495, 2005.

ARAÚJO, R.O. **Componentes de covariâncias estimados por metodologia bayesiana para parâmetros biológicos obtidos por modelos não lineares para bubalinos da raça Murrah**. Dissertação (Mestrado em Produção Animal) – Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, 2009. 73p.

BARBIERI, A.; ONO, R.K.; CURSINO, L.L.; FARAH, M.M.; PIRES, M.P.; BERTIPAGLIA, T.S.; PIRES, A.V.; CAVANI, L.; CARRENO, L.O.D.; FONSECA, R. Genetic parameters for body weight in meat quail, **Poultry Science**, v.94, p.169-171, 2015.

BONAFÉ, C.M. **Avaliação do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória**. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2008, 49p.

BONAFÉ, C.M.; TORRES, R.A.; SARMENTO, J.L.R.; SILVA, L.P.; RIBEIRO, J.C.; TEIXEIRA, R.B.; SILVA, F.G.; SOUSA, M.F. Modelos de regressão aleatória para descrição da curva de crescimento de codornas de corte. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.40, n.4, p.765-771, 2011.

BRACCINI NETO, J.; DIONELLO, N.J.L.; SILVEIRA JUNIOR, P.; BONGALHARDO, D.C.; XAVIER, E.G. Análise de curvas de crescimento de aves de postura. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.25, n.6, p.1062-1073, 1996.

CARDOSO, F.F.; TEMPELMAN, R.J. Reaction norm models for genetic merit prediction of Angus cattle under genotype by environment interaction. **Journal Animal Science**, v.90, p.2130–2141, 2012.

CALUS, M.P.L.; GROEN, A.F.; DE JONG, G. Genotype \times environment interaction for protein yield in Dutch dairy cattle as quantified by different models. **Journal Dairy Science**, v.85, p.3115-3123, 2002.

CALUS, M. P. L.; VEERKAMP, R. Estimation of environmental sensitivity of genetic merit for milk production traits using a random regression model. **Journal Dairy Science**, v.86, p.3756–3764, 2003.

CORZO, A.; KIDD, M. T.; DOZIER III, W. A.; PHARR, G. T.; KOUTSOS, E. A. Dietary threonine needs for growth and immunity of broilers raised under diferente litter conditions. **Poultry Science**, v.16, p.574-582, 2007.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514p.

DIONELLO, N.J.L.; CORREA, G.S.S.; SILVA, M.A.; CORRÊA, A.B.; SANTOS, G.G. Estimativas da trajetória genética do crescimento de codornas de corte utilizando modelos de regressão aleatória. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.2, p.454-460, 2008.

DRUMOND, E.S.C.; GONÇALVES, F.M.; VELOSO, R.C.; AMARAL, J.M.; BALOTIN, L.V.; PIRES, A.V.; MOREIRA, J. Curvas de crescimento para codornas de corte. **Ciência Rural**, v.43, n.10, p.1872-1877, 2013.

FALCONER, D. S. **Introduction to quantitative genetics**. Essex: Longman Scientific & Technical, 1989.p. 438.

FELIPE, V.P.S.; SILVA, M.A.; WENCESLAU, R.R. VALENTE, B.D.; SANTOS, G.G.; FREITAS, L.S.; CORRÊA, G.S.S.; CORRÊA, A.B. Utilização de modelos de norma de reação com variância residual heterogênea para estudo de valores genéticos de peso de codornas de corte em função de níveis de proteína bruta na dieta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.64, n.4, p.991-1000, 2012.

HARTLEY, H.O. The modified Gauss-Newton method for the fitting of nonlinear regression functions by least squares. **Thechnometrics**, v.3, p.269-280, 1961. Disponível em: <<http://www.jstor.org/pss/1266117>>. Acessado em: 30-nov-2015.

KNÍZETOVÁ, H.; HYÁNEK, J.; KNÍZE, B.; ROUBÍCEK, J. Analysis of fowl. I – Chickens. **Poultry Science**, v.32, p.1027-1038, 1991.

KOLMODIN, R.; STRANDBERG, E.; JORJANI, H.; DANELL, B. Selection in the presence of a genotype by environment interaction: response in environmental sensitivity. **Animal Science**, v.76, p.375-385, 2003.

LAIRD, A. K. Dynamics of relative growth. **Growth**, v.29, p.249-263, 1965. Disponível em: <<http://ukpmc.ac.uk/abstract/MED/5865687/reload=0;jsessionid=Cf2snUO2loCJzNpyyDeU.125>>. Acessado em: 25-nov-2015.

LÔBO, R.N.B.; VILLELA, L.C.V.; LOBO, A.M.B.O.; PASSOS, J.R.S.; OLIVEIRA, A.A. Parâmetros genéticos de características estimadas da curva de crescimento de ovinos da raça Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.35, n.3, p.1012-1019, 2006.

MALHADO, C.H.M.; CARNEIRO, P.S.L.; AFFONSO, P.R.A.M.; SOUZA JUNIOR, A.A.O.; SARMENTO, J.L.R. Growth curves in Dorper sheep crossed with the local Brazilian breeds, Morada Nova, Rabo Largo, e Santa Inês. **Small Ruminant Research**, v. 84, p. 16-21, 2009.

MEYER, K. WOMBAT – A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). **Journal of Zhejiang University Science**, v8, n.11, p.815-821, 2007.

MÓRI, C.; GRACIA, E.A.; PAVAN, A.C.; PICCININ, A.; PIZZOLANTE, C.C. Desempenho e rendimento de carcaça de quarto grupos genéticos de codornas para produção de carne. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v.34, n.3, p.870-876, 2005.

MOTA, L.F.M.; ALCÂNTARA, D.C.; ABREU, L.R.A.; COSTA, L.S.; PIRES, A.V.; BONAFÉ, C.M.; SILVA, M.A.; PINHEIRO, S.R.F. Crescimento de codornas de diferentes

grupos genéticos por meio de modelos não lineares. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.67, n.5 p.1372-1380, 2015a.

MOTA, L.F.M.; ABREU, L.R.A.; SILVA, M.A.; PIRES, A.V.; LIMA, H.J.D.; BONAFÉ, C.M.; COSTA, L.S.; SOUZA, K.A.R.; MARTINS, P.G.M.A. Genotype x dietary (methionine + cystine):lysine ratio interaction for body weight of meat-type quails using norm models. **Livestock Science**, v.182, p.137-144, 2015b.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; FIRAT, M.Z.; AKSOY, T. Comparison fo non-linear growth models to describe the growth in Japanese quail. **Journal of Animal and Veterinary Advances**, v.9, n.14, p.1961-1966, 2010.

NARINC, D.; KARAMAN, E.; AKSOY, T.; FIRAT, M.Z. Genetic parameter estimates fo growth curve and reproduction traits in Japanese quail. **Poultry Science**, v.93, p.24-30, 2014.
NELDER, J. A. The fitting of a generalization of the logistic curve. **International Biometric Society**, v.17, n.1, p.89-110, 1961. Disponível em: <<http://www.jstor.org/stable/2527498>>. Acessado em: 18-nov-2015.

RAJINI, R.A.; NARAHARI, D. Dietary energy and protein requirements od growing japanese quails in the tropics. Indian **Journal of Animal Sciences**, v.68, n.10, p.1082- 1086, 1998.

RATKOWSKY, D.A. **Handbook of nonlinear regression models**. New York and Basel, Marcel Dekker, 1990. 241p.

RICHARDS, F. J. A flexible growth function for empirical use. **Jornal Experimental Botany**, v.10, n.2, p.290-301, 1959. Acessado em: <<http://www.jxb.oxfordjournals.org/content/10/2/290>>. Acessado em: 17-nov-2015.

ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. *Biometrics*, v.15, p.469-485, 1959.

THOLON, P.; QUEIROZ, S.A. Modelos matemáticos utilizados para descrever curvas de crescimento em aves aplicados ao melhoramento genético animal. **Ciência Rural**, v.39, n.7, p.2261-2269, 2009.

SANTOS, G. G.; CORRÊA, B. D.; VALENTE, M. A.; CORRÊA, A. B.; FELIPE, V. P. S.; WANCESLAU, R. R. Sensibilidade de valores genéticos de codornas de corte em crescimento às modificações de níveis de proteína das dietas. **Arquivo Brasileiro de Veterinária e Zootecnia**, v.60, n.5, p.1188-1196, 2008.

SARMENTO, J.L.R.; REGAZZI, A.J.; SOUZA, W.H. et al. Estudo da curva de crescimento de ovinos Santa Inês. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 35, p.435 -442, 2006.

SAS INSTITUTE. **Statistical analysis systems user's guide**. Version 9.1. Cary: SAS Institute Inc., 2002. 1052 p.

SCHWARZ, G. Estimating the dimension of a models. **The Annals of Statistics**, v.6, p.461-464, 1978.

SILVA, J.H.V.; JORDÃO FILHO, J.; COSTA, F.G.P.; LACERDA, P.B.; VARGAS, D.G.V.; LIMA, M.R. Exigências nutricionais de codornas. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.13, n.3, p.775-790, 2012.

SILVA, L. P. **Comparação de modelos de crescimento e interação genótipos por ambientes na avaliação genética de codornas de corte. 2014.** 49p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2014.

VON BERTALANFFY, L. Quantitative laws for metabolism and growth. **The Quarterly Review of Biology**, v.32, p.217-231, 1957. Disponível em: <http://www.jstor.org/stable/2815257>>. Acessado em: 23-nov-2015

3. CONSIDERAÇÕES FINAIS

O modelo Gompertz foi o que apresentou melhor ajuste dos dados, sendo o mais indicado para estudos que tenham como objetivo avaliar as curvas de crescimento em codornas de corte.

Os resultados encontrados neste trabalho mostram que as relações treonina:lisina, de ambos os estudos, influenciaram o crescimento e o desempenho das codornas, além de promoverem mudanças nas estimativas dos parâmetros genéticos sugerindo, para a maior parte das características estudadas, a existência da interação genótipo - ambiente, seja ela por dispersão ou por reordenamento dos valores genéticos.

As diferentes relações de treonina:lisina fornecidas na dieta dos animais de 22 aos 35 dias de idade, promoveram mudanças mais relevantes no desempenho dos animais, propondo que nesta fase as codornas são mais susceptíveis às mudanças nutricionais.

O ambiente nutricional (relação treonina:lisina) em que as codornas são selecionadas deve ser considerado dentro dos programas de melhoramento animal uma vez que foi constatado a existência de interação genótipo - ambiente, ou seja, o desempenho produtivo das codornas pode ser diferente dependendo do ambiente na qual estão expostas.